

GTCGACCCACGCGTCCGGGAGCGCGGCTAAGAGTGCCCGCACCGCCTCACAACCTGGAAACCGGAGAGTAGGGCCGTC 79
 GGCTGGCAAGAACCCCGCGTGCCTCCTCGGCAAGGGCCATCCGGTGCCACCCATGTGCACTAGACAGAAGAGGGTGA 158
 GTCCTGAACTGCAACCTGCACAGAGCTGCTCTGTACTGTCCCTGGTGGTCCCGCC ATG ACC TGG TTG GTG 5
 L L G T L L C M L R V G L G T P D S E G 25
 CTG CTG GGG ACA CTG CTC TGC ATG CTG CGC GTT GGG TTA GGC ACC CCG GAC TCC GAG GGT 289
 F P P R A L H N C P Y K C I C A A D L L 45
 TTC CCG CCC CGT GCG CTC CAC AAC TGC CCC TAC AAA TGT ATC TGC GCT GCC GAC CTG CTA 349
 S C T G L G L Q D V P A E L P A A T A D 65
 AGC TGC ACT GGC CTA GGG CTG CAG GAC GAC GTG CCA GCC GAG TTA CCT GCC GCT ACT GCG GAC 409
 L D L S H N A L Q R L R P G W L A P L F 85
 CTC GAC CTG AGC CAC AAC GCG CTC CAG CGC CTG CGC CCC GGC TGG TTG GCG CCC CTC TTC 469
 Q L R A L H L D H N E L D A L G R G V 105
 CAG CTG CGC GCC CTG CAC CTA GAC CAC AAC GAA CTA GAT GCG CTG GGT CGC GGC GTC TTC 529
 V N A S G L R L L D L S S N T L R A L G 125
 GTC AAC GCC AGC GGC CTG AGG CTG CTC GAT CTA TCA TCT AAC ACG TTG CGG GCG CTT GGC 589

Fig. 1A

R	H	D	L	D	G	L	G	A	L	E	K	L	L	L	F	N	N	R	L	145
CGC	CAC	GAC	CTC	GAC	GGG	CTG	GGG	GCG	CTG	GAG	AAG	CTG	CTT	CTG	TTC	AAT	AAC	CGC	TTG	649
V	H	L	D	E	H	A	F	H	G	L	R	A	L	S	H	L	Y	L	G	165
GTG	CAC	TTG	GAC	GAG	CAT	GCC	TTC	CAC	GGC	CTG	CGC	GCG	CTC	AGC	CAT	CTC	TAC	CTG	GCG	709
C	N	E	L	A	S	F	S	F	D	H	L	H	G	L	S	A	T	H	L	185
TGC	AAC	GAA	CTC	GCC	TCG	TTC	TCC	TTC	GAC	CAC	CTG	CAC	GGT	CTG	AGC	GCC	ACC	CAC	CTG	769
L	T	L	D	L	S	S	N	R	L	G	H	I	S	V	P	E	L	A	A	205
CTT	ACT	CTG	GAC	CTC	TCC	TCC	AAC	GCG	CTG	GGA	CAC	ATC	TCC	GTA	CCT	GAG	CTG	GCC	GCG	829
L	P	A	F	L	K	N	G	L	Y	L	H	N	N	P	L	P	C	D	C	225
CTG	CCG	GCC	TTT	CTC	AAG	AAC	GGC	CTC	TAC	TTG	CAC	AAC	AAC	CCT	TTG	CCT	TGC	GAC	TGC	889
R	L	Y	H	L	L	Q	R	W	H	Q	R	G	L	S	A	V	R	D	F	245
CGC	CTC	TAC	CAC	CTG	CTA	CAG	CGC	TGG	CAC	CAG	CGG	GGC	CTG	AGC	GCC	GTG	CGC	GAC	TTT	949
A	R	E	Y	V	C	L	A	F	K	V	P	A	S	R	V	R	F	F	Q	265
GCG	CGC	GAG	TAC	GTA	TGC	TTG	GCC	TTC	AAG	GTA	CCC	GCG	TCC	CGC	GTG	CGC	TTC	TTC	CAG	1009
H	S	R	V	F	E	N	C	S	S	A	P	A	L	G	L	K	R	P	E	285
CAC	AGC	CGC	GTC	TTT	GAG	AAC	TGC	TCG	TCG	GCC	CCA	GCT	CTT	GGC	CTA	AAG	CGG	CCG	GAA	1069

Fig. 1B

E	H	L	Y	A	L	V	G	R	S	L	R	L	Y	C	N	T	S	V	P	305
GAG	CAC	CTG	TAC	GCG	CTG	GTG	GGT	CGG	TCC	CTG	AGG	CTT	TAC	TGC	AAC	ACC	AGC	GTC	CCG	1129
A	M	R	I	A	W	V	S	P	Q	Q	E	L	L	R	A	P	G	S	R	325
GCC	ATG	CGC	ATT	GCC	TGG	GTT	TCG	CCG	CAG	CAG	GAG	CTT	CTC	AGG	GCG	CCA	GGA	TCC	CGC	1189
D	G	S	I	A	V	L	A	D	G	S	L	A	I	G	N	V	Q	E	Q	345
GAT	GGC	AGC	ATC	GCG	GTG	CTG	GCC	GAC	GGC	AGC	TTG	GCC	ATA	GGC	AAC	GTA	CAG	GAG	CAG	1249
H	A	G	L	F	V	C	L	A	T	G	P	R	L	H	H	N	Q	T	H	365
CAT	GCG	GGA	CTC	TTC	GTG	TGC	CTG	GCC	ACT	GGG	CCC	CGC	CTG	CAC	CAC	AAC	CAG	ACG	CAC	1309
E	Y	N	V	S	V	H	F	P	R	P	E	P	E	A	F	N	T	G	F	385
GAG	TAC	AAC	GTG	AGC	GTG	CAC	TTT	CCG	CGC	CCA	GAG	CCC	GAG	GCT	TTC	AAC	ACA	GGC	TTC	1369
T	T	L	L	G	C	A	V	G	L	V	L	V	L	L	Y	L	F	A	P	405
ACC	ACA	CTG	CTG	GGC	TGT	GCC	GTG	GGC	CTT	GTG	CTC	GTG	CTG	CTC	TAC	CTG	TTC	GCC	CCA	1429
P	C	R	C	C	R	A	C	P	P	L	P	P	L	A	P	N	T	Q	P	425
CCC	TGC	CGC	TGC	TGC	GCC	CGT	GCC	TGC	CCG	CTG	CCG	CCG	CTG	GCC	CCA	AAC	ACC	CAG	CCC	1489
A	P	R	A	E	P	H	K	S	S	V	L	S	T	T	P	P	D	A	P	445
GCT	CCA	AGA	GCT	GAG	CCG	CAC	AAG	TCC	TCA	GTA	CTC	AGC	ACC	ACA	CCG	CCA	GAC	GCA	CCC	1549

Fig. 1C

S	P	Q	G	A	S	T	S	T	*
AGC	CCG	CAA	GGC	CAA	GCG	TCC	ACA	AGC	ACG TAG
TC	TTTCT	GGAGCC	AGGCCG	AGGGGCCTCAAT	GGCCCCGCGTG	CAGCTGGC	AGTAGCTGGC	GAATT	CGATCTCTACAACC 1661
CT	GGAGGCCT	GCAGCTGA	AGGCTGGCTCT	GAGTCCGCCAGCTCCA	TAGGCTCCG	AGGTCCC	ATGACAACCTAGACTGC 1740		
CAG	GGCTCCCC	ACCCAG	CCCCCACCCCTCT	TGCTGCTCGCCCTGCT	CCCTGCTCCG	TCCAGAGAACTGGCAGATACT 1819			
GGT	GGGAAGCA	CTGTGCCT	TGGCCCCCAGCTT	CCTGTATGGGCCTCG	AAAACAAATGGGCCTTCT	CGCTCACTGGTAGA 1898			
GAC	AGGGGT	TGTGGT	CCCCAACCTGCCTT	CTGCTCTGCCCTTGCA	CAGGACCCAAAGGCCCCCAGGCCCTGCAAGGTGTG 1977				
CTAG	TTCCCTGCTT	CCCCGGGACTT	CCTAGTGCCCCCAAAT	GCCTGTGAGGCTGAGAGACCCAGGCCCTGTGGCTTTCA 2056					
ACAC	AGCACAGCTGT	GGAAGTGGCTGT	GTCTTCTACAGCCTGT	GGAAGAACCCCTGTAGCAGAGCCTCCCATCCACCC 2135					
TCAG	GGGCTGAGGC	AGCTCTCGAGGAGTGGT	GTCTCAAGAGCTGACGCAGGGCCACCT	CCCCCTTCCCAAGGGGTGGGAG 2214					
GGAG	TGGCCCA	CAGGAAAGAAGCGGCTCT	GAAGGAAGATCTCGCCCCACACCC	CCAGGACAGAAAGAGGAAACAAGC 2293					
CCG	CCCTCTG	GTGAAATGGGACTCCCT	CCATCCACCAACACCCACCTCCT	GAAAGCTTCACAACCTTACGCAGAGTCC 2372					
GGT	GGCAGGCAC	CGGAAAGGCTCCTCAAGAGGTT	CCTGGTGGTCTGGCCCTAAGCCCCCAGCC	CAGAGGCCCTGCTC 2451					

Fig. 1D

TCTCTGGCCTGGGGCATCCACCCGTTGTTCTGAAGGCAGAGCCCATTTCTGTGGGCTCACAAGACACAGTGAAGGGGATC 2530
ATGGCCTGCACCCCTGCTTTTCAGCAGTAAAAAGCCCGAAAGCCTGGCGAGCATGGCCGAGCTGGGAGGGCCGAGCCG 2609
GAAC'TCCACGTCCCTCGAGAGCAGGAGCCCTCTTAAGGGCTGGCACTGGTCTCAGCCCTAATGGCTGAGGCCGGTACCCCTGG 2688
CTTCATATGCATCTCACTGCTCCCAC'TGCAGGGGGGCAGGGAAGGGGGTCTGGGAGCCCTTCATGTGTGGGGGCCGAG 2767
CTGGGGCCCCCATGGCCATCCTTGGACCTCGCTGCTCCAGAGTTTAATAAAGGTAGCACATGCTTATTGCTAGAAAAAA 2846
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGGCGGCCGC 2895

Fig. 1E

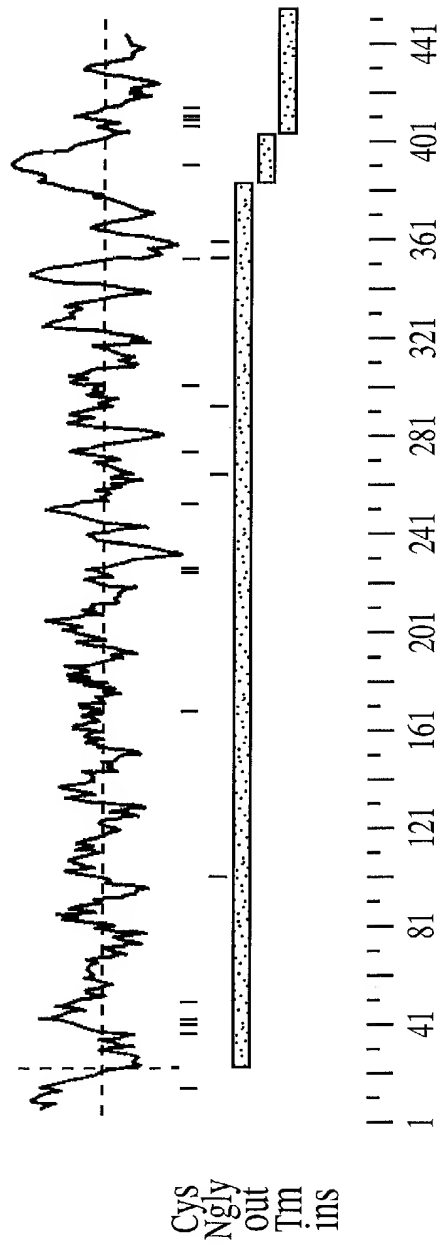


FIG. 1F

```

10      20      30      40      50      60      70
H MTWLVLLGTLMLRVGLGTPDSEGFPPRALHNCYPKICIAADLLSCTGLGLQDVPaelPAATADLDLsh
P MN-LDIHCEQLSDARWTELLPLLQQYEVVRLLDDCGLTEEHCKDIGS--ALRANPSLTELclRTNEL--GD
80      90      100      110      120      130
H NALQRLRPGWLAPLFQlRALHLDHNEldALGRGVFVNA----SGLRLDLLSSNTlRALGRHDL-DGLGA-
P AGVHLVLQGLQSPtCKlQKlSLQNCslTEAGCGVLPStlRSLPtLRELHLSdNPLGDAGLRLLCEGLldP
140      150      160      170      180      190      200
H ---LEKLLLFNNRLVHLD-EHAFHGLRALSHLYLGCNElASFSDHlHGLSATHLLTLdLSSNRlGHISV
P QCHLEKlQLEyCRlTAASCEPLASVLRAtrAl-----KELTVSNND--IGeAGARVLGQGLAD-----SA
210      220      230      240      250      260
H PELAAALPAFLKN-GLYLHNNPLPCDCRlYHLLQrWHQRGLSAVRDFAREYVCLAFKVPASrVR---FFQH
P CQLEtLR--LENCGLTPANCKDLcGIVASQASlRElDLGSNGlGDAGlAElCPGLlSPASrRLKTLWLWEC

```

Fig. 1G

```

270      280      290      300      310      320
H SRVFENCSSA-PALGLKRPEEHLYALVGRSL-----RLYCNTSV-PAMRIAWVSPQQLLRAPGSRDGS
  . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P DITASGCRDLCRVIAKETIKEL-SLAGNKLGDGARGLLCESLIQPGCQLESIMWKSCSLTAACCCQHVS
270      280      290      300      310      320      330

330      340      350      360      370      380      390
H AVLADGSLAIGNVQEQHAGLFVCLATGPRLLHHNQTHEYNVSVHFFRPEPEAFNTGFTLLGCAVGLVL
  . . . . . : : : : : : : : : : . . . . . : : : : : : : :
P MLTQNKHL-----LELQLSSNKLGDSGIQELCQALSQPGTTLRVLCIGDCEVTNSGCSSLAS--ILLANRS
340      350      360      370      380      390

400      410      420      430      440      450
H LYLFAPPCRRACPLPPIAPNTQPAPRAEPHK-SSVLSTTPPDAPSPQQAATS-----T
  : . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
P LRELDLSNNCVGDPGVILQLLSLEQPGCALEQLVLYDTYWTEEVEDRLQALEGSKPGLRVIS
400      410      420      430      440      450

```

Fig. 1H

ccg ttt ctc ttt aac cac ttg cac ggt ctg ggg tta acc cgc ctg cgg	48
Pro Phe Leu Phe Asn His Leu His Gly Leu Thr Arg Leu Arg	15
1	
act ctg gac ctc tcc tcc aac tgg ctg aaa cat atc tcc atc cct gag	96
Thr Leu Asp Leu Ser Ser Asn Trp Leu Lys His Ile Ser Ile Pro Glu	30
20	
ttg gct gca ctg cca act tat ctc aag aac agg agc ctc tac ctg cac aac	144
Leu Ala Ala Leu Pro Thr Tyr Leu Lys Asn Arg Leu Tyr Leu His Asn	45
35	
aac ccg ctg ccc tgt gac tgc agc ctc tac cac ctg ctc cgg cgc tgg	192
Asn Pro Leu Pro Cys Asp Cys Ser Leu Tyr His Leu Leu Arg Arg Trp	60
50	
cac cag cgg ggc ctg agt gcc ctg cat gat ttt gaa cgc gag tac aca	240
His Gln Arg Gly Leu Ser Ala Leu His Asp Phe Glu Arg Glu Tyr Thr	75 80
65	
tgc ttg gtc ttt aag gtg tca gag tcc cga gtg cgc ttt gag cac	288
Cys Leu Val Phe Lys Val Ser Glu Ser Arg Val Arg Phe Glu His	85 90 95
agc cgg gtc ttc aag aac tgc tct gtg gct gca gct cca ggc tta gag	336
Ser Arg Val Phe Lys Asn Cys Ser Val Ala Ala Ala Pro Gly Leu Glu	100 105 110

Fig. 11

ctg cct gaa gag cag ctg cac gcg cag gtg ggc cag tcc ctg agg ctc	384
Leu Pro Glu Glu Gln Gln Leu His Ala Gln Val Gly Gln Ser Leu Arg Leu	
115 120	
ttc tgc aac acc agt gtg cct gcc act cgg gtg gcc tgg gtc tcc ccg	432
Phe Cys Asn Thr Ser Val Pro Ala Thr Arg Val Ala Trp Val Ser Pro	
130 135 140	
aaag aat gag ctg ctt gtg gcg cca gcc tct cag gat ggt agc atc gct	480
Lys Asn Glu Leu Val Ala Pro Ala Ser Gln Asp Gly Ser Ile Ala	
145 150 155 160	
gtg ttg gct gat ggc agc tta gcc ata ggc agg gtg caa gag cag cac	528
Val Leu Ala Asp Gly Ser Leu Ala Ile Gly Arg Val Gln Glu Gln His	
165 170 175	
gca ggc gtc ttt gtg tgc ctg gcc agt ggg ccc cgc ctg cac cac aac	576
Ala Gly Val Phe Val Cys Leu Ala Ser Gly Pro Arg Leu His His Asn	
180 185 190	
cag aca ctt gag tac aat gtg agt gtg caa aag gct cgc ccc gag cca	624
Gln Thr Leu Glu Tyr Asn Val Ser Val Gln Lys Ala Arg Pro Glu Pro	
195 200 205	
gag act ttc aac aca ggc ttt acc acc ctg ggc tgt att gtg ggc	672
Glu Thr Phe Asn Thr Thr Phe Thr Thr Thr Leu Gly Cys Ile Val Gly	
210 215 220	

Fig. 1J

ctg gtg ctg gtg ttg ctg ttg tac ttg ttt gca cca ccc tgt cgt ggc tgc	720
Leu Val Leu Val Leu Leu Tyr Leu Phe Ala Pro Pro Cys Arg Gly Cys	
225 230 235 240	
tgt cac tgc tgt cag cgg gcc tgc cgc aac cgt tgc tgg ccc cgg gca	768
Cys His Cys Cys Gln Arg Ala Cys Arg Asn Arg Cys Trp Pro Arg Ala	
245 250 255	
tcc agt cca ctc cag gag ctg agc gca cag tcc tcc atg ctt agc act	816
Ser Ser Pro Leu Leu Gln Glu Leu Ser Ala Gln Ser Ser Met Leu Ser Thr	
260 265 270	
acg cca cca gat gca ccc agc cgc aag gcc agt gtc cac aag cat gtg	864
Thr Pro Pro Asp Ala Pro Ser Arg Lys Ala Ser Val His Lys His Val	
275 280 285	
gtc ttc ctg gag ccg ggc aag aag ggc ctc aat ggc cgt gtg cag ctc	912
Val Phe Leu Glu Pro Gly Lys Lys Gly Leu Asn Asn Gly Arg Val Gln Leu	
290 295 300	
gca gta cct cca gac tcc gat ctg tgc aac ccc atg ggc ttg caa ctc	960
Ala Val Pro Pro Asp Ser Asp Leu Cys Asn Pro Met Gly Leu Gln Leu	
305 310 315 320	
aa	962

Fig. 1K

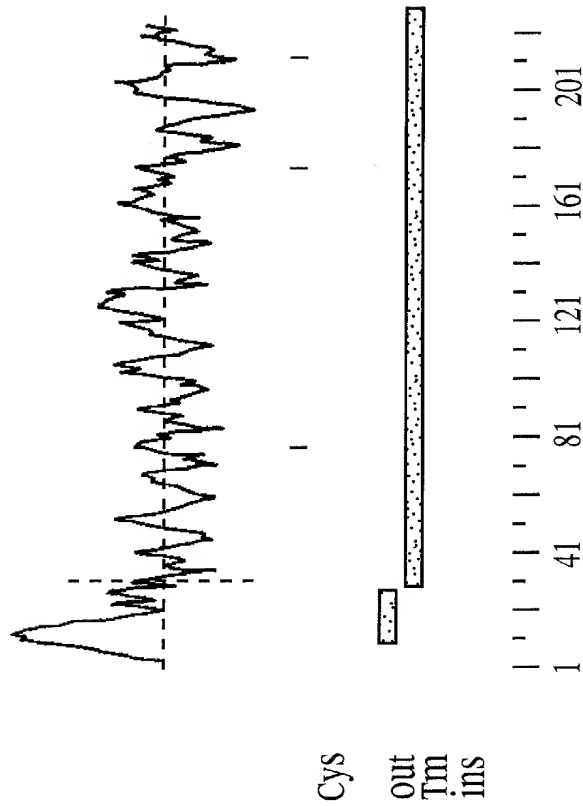


FIG. 1L

```

M      1  .....PFLFNHLHGLTRLRRLTDLSSNWLKHISI 30
H      151 HAFHGLRALSHLYLGCNELASFDFDHLHGLSATHLLTDLSSNRLGHISV 200

M      31 PELAALPTYLKNRLYLHNNPLPCDCSLYHLLRRWHQRLSALHDFEREYT 80
H      201 PELAALPAFLKNGLYLHNNPLPCDCRLYHLLQRWHQRLSAVRDFAREYV 250

M      81 CLVFKVSESRVRFEEHSRVFKNCVAAAPGLELPEEQHQAQVGQSLRFLC 130
H      251 CLAFKVPASRVRFQHSRVFENCSSAPALGLKRPEEHLAYALVGRSLRLYC 300

M      131 NTSVPATRVAVWVSPKNELLVAPASQDGSIAVLADGSLAIGRVQEQHAGVF 180
H      301 NTSVPAMRIAUVSPQQELLRAPGSRDGSIAVLADGSLAIGNVQEQHAGLF 350

M      181 VCLASGPRLLHNNQTLEYNVSVQKARPEPETFNTGFTLLGCIVGLVLVLL 230
H      351 VCLATGPRLHNNQTHEYNVSVHFPRPEPEAFNTGFTLLGCAVGLVLVLL 400

M      231 YLFAPPCRGCCCHCCQACRNRNCWPRASSPLQELSA.QSSMLSTTPPDAPS 279
H      401 YLFAPPCR....CRRACPLPLAPNTQAPAPRAEPHKSSVLSTTPPDAPS 446

M      280 RKASVHKHVVFLEPGKGLNGRVQLAVPPDSDLNCPMGLQL 320
H      447 PQGQASTST..... 455

```

Fig. 1M

[illegible]

Fig. 2A

T	I	A	G	L	V	V	G	L	A	D	L	L	S	K	H	D	S	Q	170	
ACC	ATC	GCG	GGG	CTG	GTG	GTC	GTG	GGC	CTG	GCT	GAC	CTC	CTG	AGC	AAG	CAC	GAC	AGT	CAG	549
H	K	L	S	E	V	I	T	G	D	L	L	I	I	M	A	Q	I	I	V	190
CAC	AAG	CTC	AGC	GAA	GTG	ATC	ACA	GGG	GAC	CTG	TTG	ATC	ATC	ATG	GCC	CAG	ATC	ATC	GTT	609
A	I	Q	M	V	L	E	E	K	F	V	Y	K	H	N	V	H	P	L	R	210
GCC	ATC	CAG	ATG	GTG	CTA	GAG	GAG	AAG	TTC	GTC	TAC	AAA	CAC	AAT	GTG	CAC	CCA	CTG	CGG	669
A	V	G	T	E	G	L	F	G	F	V	I	L	S	L	L	L	V	P	M	230
GCA	GTT	GGC	ACT	GAG	GGC	CTC	TTT	GGC	TTT	GTG	ATC	CTC	TCC	CTG	CTG	CTG	GTG	CCC	ATG	729
Y	Y	I	P	A	G	S	F	S	G	N	P	R	G	T	L	E	D	A	L	250
TAC	TAC	ATC	CCC	GCC	GGC	TCC	TTC	AGC	GGA	AAC	CCT	CGT	GGG	ACA	CTG	GAG	GAT	GCA	TTG	789
D	A	F	C	Q	V	G	Q	Q	P	L	I	A	V	A	L	L	G	N	I	270
GAC	GCC	TTC	TGC	CAG	GTG	GGC	CAG	CAG	CCG	CTC	ATT	GCC	GTG	GCA	CTG	CTG	GGC	AAC	ATC	849
S	S	I	A	F	F	N	F	A	G	I	S	V	T	K	E	L	S	A	T	290
AGC	AGC	ATT	GCC	TTC	TTC	AAC	TTC	GCA	GGC	ATC	AGC	GTC	ACC	AAG	GAA	CTG	AGC	GCC	ACC	909
T	R	M	V	L	D	S	L	R	T	V	V	I	W	A	L	S	L	A	L	310
ACC	CGC	ATG	GTG	TTG	GAC	AGC	TTG	CGC	ACC	GTT	GTC	ATC	TGG	GCA	CTG	AGC	CTG	GCA	CTG	969

Fig. 2B

G	W	E	A	F	H	A	L	Q	I	L	G	F	L	I	L	I	G	T	330		
GGC	TGG	GAG	GCC	TTC	CAT	GCA	CTG	CAG	ATC	CTT	GGC	TTC	CTC	ATA	CTC	CTT	ATA	GGC	ACT	1029	
A	L	Y	N	G	L	H	R	P	L	L	G	R	L	S	R	G	R	P	L	350	
GCC	CTC	TAC	AAT	GGG	CTA	CAC	CGT	CCG	CTG	CTG	GGC	CGC	CTG	TCC	AGG	GGC	CGG	CCC	CTG	1089	
A	E	E	S	E	Q	E	R	L	L	G	G	T	R	T	P	I	N	D	A	370	
GCA	GAG	GAG	AGC	GAG	CAG	GAG	AGA	CTG	CTG	GGT	GGC	ACC	CGC	ACT	CCC	ATC	AAT	GAT	GCC	1149	
S	*																			372	
AGC	TGA																			1155	
GGT	TCC	CTG	GAG	CTT	CTA	CTG	CCAC	CCCG	GGT	GTCT	CTCT	CCCT	GAG	ACT	GAG	CCAC	ACAG	GGCT	GTGG	CCCCGAA	1234
TG	CCCT	AT	CCCC	AAG	CCCT	CAC	CCCT	GT	CCCC	CTGC	AGAAC	CCCC	CAG	GGC	AGCT	GTG	CCAC	AGAG	ATAAC	AACAC	1313
CCA	AGT	CCCT	CTTT	CTCA	CTAC	CACT	ACC	CTGC	AGGG	TGGT	GTAT	ACCC	AG	CCCC	CACA	AGCCT	GAGT	GCAG	TGGC	AGACCTC	1392
AG	CTCT	CTG	AC	CCCC	CTCC	TAC	AGCA	CTAG	AGCT	AAAT	CATGA	AGTTGA	ATTG	TAGGA	ATTT	TACCA	CCGTA	GTGT	ATCTG		1471
AAT	CATA	AACT	AGAT	TAT	CATA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA		1518

16/109

Fig. 2C

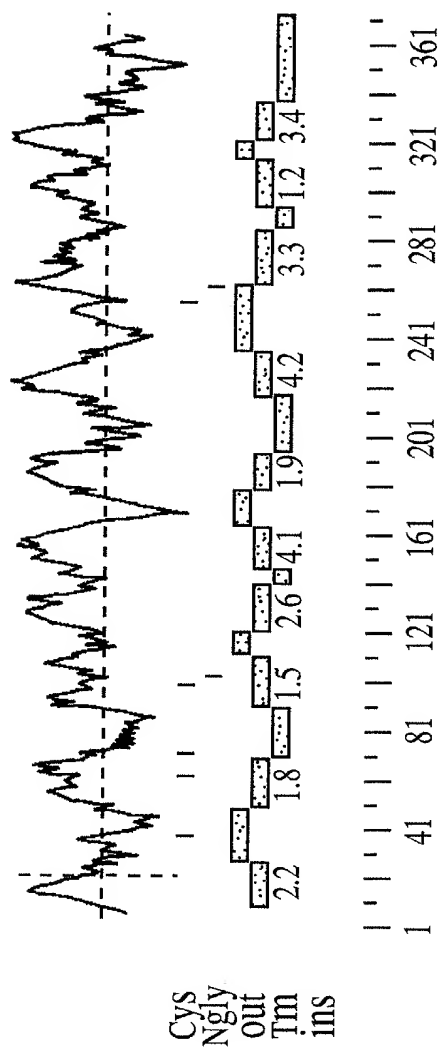


FIG. 2D

18/109

	M.	A	P	H	W	
GTCGACCCACGCGTCCGCGGACAGCTGGCCTGAAGCTCAGAGCCGGGGCGTGCGCC	ATG	GCC	CCA	CAC	TGG	5
						72
A V W L L A A R L W G L G I G A E V W W						25
GCT GTC TGG CTG CTG GCA AGG CTG TGG GGC CTG GGC ATT GGG GCT GAG GTG TGG TGG						132
N L V P R K T V S S G E L A T V V R R F						45
AAC CTT GTG CCG CGT AAG ACA GTG TCT TCT GGG GAG CTG GCC ACG GTA GTA CGG CGG TTC						192
S Q T G I Q D F L T L T L T E P T G L L						65
TCC CAG ACC GGC ATC CAG GAC TTC CTG ACA CTG ACG CTG ACG GAG CCC ACT GGG CTT CTG						252
Y V G A R E A L F A F S M E A L E L Q G						85
TAC GTG GGC GCC CGA GAG GCC CTG TTT GCC TTC AGC ATG GAG GCC CTG GAG CTG CAA GGA						312
A I S W E A P V E K K T E C I Q K G K N						105
GCG ATC TCC TGG GAG GAG CCC GTC GAG AAG AAG ACT GAG TGT ATC CAG AAA GGG AAG AAC						372
N Q T E C F N F I R F L Q P Y N A S H L						125
AAC CAG ACC GAG TGC TTC AAC TTC ATC CGC TTC CTG CAG CCC TAC AAT GCC TCC CAC CTG						432
Y V C G T Y A F Q P K C T Y V V S A A L						145
TAC GTC TGT GGC ACC TAC GCC TTC CAG CCC AAG TGC ACC TAC GTC GTG AGT GCT GCC CTC						492

Fig. 3A

L P R C P Q P P A L L T L L L W T R G C G 165
 CTA CCT CGG TGT CCC CAG CCC CCC GGC CTC CTC CTT CTC TGG ACT CGT GGA TGT GGC 552

 P Q S P A L K H L L I T S L S V L R T C 185
 CCA CAG AGC CCT GCC CTT AAG CAT CTC CTC ATC ACC TCT CTC TCT GTC CTT AGA ACA TGC 612

 S P S L W S M E S L K M G R A S V P M T 205
 TCA CCT TCA CTT TGG AGC ATG GAG AGT TTG AAG ATG GGA AGG GCA AGT GTC CCT ATG ACC 672

 Q L R A M L A F L W M V S C T R P H S T 225
 CAG CTA AGG GCC ATG CTG GCC TTC TTG TGG ATG GTG AGC TGT ACT CGG CCA CAC TCA ACA 732

 T S W A R N P L S C V T W G P T T P * 244
 ACT TCC TGG GCA CGG AAC CCA TTA TCC TGC GTA ACA TGG GGC CCC ACC ACT CCA TGA 789

 AGACAGAGTACCTGGCCTTTTGGCTCAACGAACCTCACTTTGTAGGCTCTGCCCTATGTACCTGAGAGTGTGGCAGCTT 868

 CACGGGGACGACGACAAGGTCTACTTCTTTCAGGGAGCGGCGAGTGGAGTCCGACTGCTATGCCGAGCAGGTGTG 947

 GCTCGTGTGGCCCGTGTCTGCAAGGGCGATATGGGGGCGCACGGACCCCTGCAGAGGAAGTGGACCACTTCCCTGAAGG 1026

 CGCGGCTGGCATGCTCTGCCCCGAACTGGCAGCTCTACTTCAACCAGCTGCAGGCGATGCACACCCCTGCAGGACACCTC 1105

19 / 109

Fig. 3B

CTGGCAACACCACCTTCTTTGGGGTTTTTCAAGCACAGTGGGGTGACATGTACCTGTGCGCCATCTGTGAGTACCAG 1184
TTGGAAGAGATCCAGCGGGTGTTTGAGGGCCCCCTATAAGGAGTACCATGAGGAAGCCCAGAAAGTGGGACCGCTACACTG 1263
ACCTGTACCCAGGCCCTGGTTGTGATGGCTGCCAGCCCCGCCATGCCGGGCCCTACCACTGCTTTTCAGAGGAGCAG 1342
GGGGCGGGCTGGCTGCTGAAGCTACCTTGTGGCTGCTGGCAGGCCCGCTCGGTGACCTTGGAGGCCCGGGCCCCC 1421
TGAAAACCTGGGGCTGGTGGCTGGCGGTGGTGGCCCTGGGGGCTGTGTGCTGGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGTC 1500
ATTGCGCCGGCGCTGCGGGAAGAGCTGGAGAAAGGGCCAAAGGCTACTGAGAGGACCTTGGTGTACCCCCCTGGAGCTG 1579
CCCAAGGAGCCCCACAGTCCCCCTTCCGGCCCTGTCTGAACCAGATGAGAAACTTTGGGATCCTGTGCGTTACTACT 1658
ATTCAGATGGCTCCCTTAAGATAGTACCTGGGCATGCCCGGTGCCAGCCCGGTGGGGGCCCCCTTCGCCACCTCCAGG 1737
CATCCCAGGCCAGCCCTCTGCCTTCTCCAACCTCGGCTTCACCTGGGGGTGGCGGAACTCAAATGCCAATGGTTACGTG 1816
CGCTTACAAC TAGGAGGGAGGACCGGGAGGGCTCGGGCACCCCCCTGCCCTGAGCTCGCGGATGAAC TGAGACGCAAAC 1895
TGCAGCAACGCCAGCCACTGCCCGACTCCAACCCCGAGGAGTCATCAGTATGAGGGGAACCCCCACCGCGTCGGCGGGA 1974
AGCGTGGGAGGTAGCTCCTACTTTTGACACAGGCACCAGCTACCTCAGGGACATGGCACGGGCACCTGCTCTGTCTGG 2053

Fig. 3C

GACAGATACTGCCAGCACCCACCGGCCATGAGGACCTGCTCTGCTCAGCACGGGCACTGCCACTTGGTGTGGCTCAC 2132
CAGGGCACCAAGCTCGCAGAAGGCATCTTCCTCCTCTCTGTGAATCACAGACACGCGGACCCAGCCGCCAAAACCTTT 2211
TCAAGGCAGAAAGTTCAAGATGTGTGTTTGTCTGTATTTGCACATGTGTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGCACGC 2290
GGTGGCGGCTTGTGGCATAGCCCTTCCTGTCTCTGTCAAGTCTTCCTTGGCCCTGGGTCCCTGGTGAGTCATTGGAG 2369
CTATGAAGGGGAAGGGTCCGTATCACATTTGTCTCTCCTACCCCCACTGCCCCGAGTGTGCGGCAGCGATGTACATATGG 2448
AGGTGGGGTGGACAGGGTGTGTGCCCCCTTCAGAGGGAGTGCAGGGCTTGGGGTGGGCCCTAGTCCTGCTCCTAGGGCTG 2527
TGAATGTTTTTCAGGGTGGGGGAGGAGATGGAGCCTCCTGTGTGTTTGGGGGGAAGGGTGGGTGGGGCCTCCCACCTG 2606
GCCCCGGGGTTCAGTGGTATTTTATACTTGCCCTTCTTCCCTGTACAGGGCTGGGAAAGGCTGTGTGAGGGGAGAGAAGGG 2685
AGAGGGTGGGCTGCTGTGGACAAATGGCATACTCTCTTCCAGCCCTAGGAGGAGGGCTCCTAACAGTGTAACCTTATTGT 2764
GTCCCCCGGTATTATTGTTGTGAAATATTGAGATTTTATATTTGA 2811

Fig. 3D

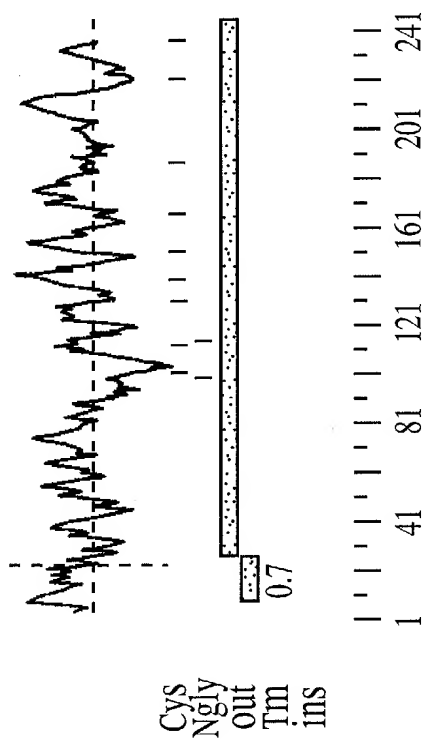


FIG. 3E


```

360      370      380      390      400      410      420
M QAQWARYTDPVSPRPGSCINNWHRDNGYTSSLELPDNTLNFIKKHPLMEDQVKPRLLVKKNTNF
  ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H ---WTR-----GCGPQ-----SPAL-----KH-----LLI---TSL
160      170

430      440      450      460      470      480      490
M THVVADRVPGLDGATYTVLFIGTGDGWLKAVSLGPWIHMVEELQVFDQEPVESLVLSQSKKVLFAGSRS
  .      .      .      .      .      .      .
H S-----VLRTCSPSLW-----SMESLKMGR-----SVPMT
180      190      200

500      510      520      530      540      550      560
M QLVQLSLADCTKYRFCVDCVLARDPYCAWNVNTSRCVATTSGRSGSFLVQHVANLDTSKMCNQYGIKKVR
  ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H QLRAM-LA-----F-----L-----WMVSCTRPHSTTS-----
210      220

570      580      590      600      610      620      630
M SIPKNITVVSGETDLVLPCHLSSNLAHAHWTFGSQDLPAEQPGSFLYDTGLQALVVMAAQSRHSGPYRCYS
  :
H -----W-----

640      650      660      670      680      690      700
M EEQGTRLAAESYLVAVVAGSSVTLEARAPLENGLVWIAVVALGAVCLVLLLVLSLRRLREELEKGAK
  ::      ::      ::      ::      ::      ::      ::
H -----ARNPLS-----CVT-----
230

```

Fig. 3G

Fig. 3H

```

10      20      30      40      50      60      70
M GGCACGAGGTGGCCGGAGTCAAACGCGAGGGCAGCGCCAGGATTGGAGCTGCACGAAAGAGGGCTGCTG
: :      : : : :      : : : :      : : : :      : : : :      : : : :
H GTC-----GACC-----CACG-----CGTC-----CGCG-----GGACAGCTG
                               10                20

80      90      100     110     120     130     140
M GACTGAAGTTTAGACCCCTGGGTGTCTGCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAGGGCT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCCTGAAGCTCAGAGCCGGGGCGTGGCCCATGGCCCCACACTGGGCTGTCTGGCTGCTGGCAGCAAGGCT
30      40      50      60      70      80      90

150     160     170     180     190     200     210
M GTGGGGCCTGGGCATCGGGCTGAGATGTGGTGAACCTTGTGCCCGGGAAGACAGTATCTTCTGGGGAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTGGGGCCTGGGCATTTGGGCTGAGGTGTGGTGAACCTTGTGCCCGGTAAGACAGTGTCTTCTGGGGAG
100     110     120     130     140     150     160

220     230     240     250     260     270     280
M CTGGTCACAGTAGTGAGCGGTTCTCCAGACAGGCATCCAGGACTTCCTGACACTGACCCCTGACAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CTGGCCACGGTAGTACGGCGGTTCTCCAGACCGGCATCCAGGACTTCCTGACACTGACGCTGACGGGAGC
170     180     190     200     210     220     230

290     300     310     320     330     340     350
M ATTCTGGCCTTTTATATGTGGGGGCCCCGAGAGGCGCTGTTTGCCCTTCAGTGTAGAGGCTCTGGAGCTGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H CCACTGGGCTTCTGTACGTGGGCGCCCCGAGAGGCCCTGTTTGCCCTTCAGCATGGAGGCCCTGGAGCTGCA
240     250     260     270     280     290     300

```

Fig. 3I

Fig. 3J

Fig. 3J

```

710      720      730      740      750      760      770
M TCAAGACAGAGTACCTGGCTTTTGGCTGAATGAACCCCACTTTGTAGGCTCTGCCCTTGTCCCTGAGAG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----AGAGCCCTGCCCTTAAGC-----ATCTCCTCATCAC---CTCTCTCTCTGTCC-TTAGA-
560      570      580      590      600

780      790      800      810      820      830      840
M TGTGGGAAGCTTCACGGGAGACGATGACAAGATCTACTTCTTCTTCAGTGAGCGGCAGTGGAGTATGAC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----ACATGCTCACCTTCA-CTT-TG-GAGCA---TGGAGAGTTTGA-
610      620      630      640

850      860      870      880      890      900      910
M TGCTATTCGAGACAGGTGGTGGCTCGTGTGGCGAGAGTCTGTAAAGGTGACATGGGGGAGCACGGACGC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----AGATGG-----GAAGGGCAAGTGTC-----C-----CTATGACCC
650      660      670

920      930      940      950      960      970      980
M TGCAGAAAGAAATGGACGACGTTCCCTGAAGGCTCGGTTGGTGTGCTCAGCCCCCTGACTGGAAGGTCTACTT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H AGCTAAGGGCCATGCTGGCCCTTCTTGT-GGATGGTGAGCTGTACTCGGCCAC--ACT-----CAACAA
680      690      700      710      720      730

990      1000      1010      1020      1030      1040      1050
M CAACCAGCTGAAGGCGGTGCACACCCCTGCGGGGCGCCTCTTGGCACAACACCACCTTCTTCGGGGTTTTT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H CTTCCTG-----GGCA-----CGGAAC-CCA-TTATC-----CTGCG-----TAA
740      750      760

```

Fig. 3K

```

1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
M CAAGCGGATGGGCGATATGACCTGTCTGCAGTTTGTGAGTACCAAGTTGGAACAGATCCAGCAAGTGT
  ::      :::::      ::      ::::      ::::      ::      ::::
H CA-----TGGGGC-----CC---C-----ACCA-----C---TCCA-----
770
1130      1140      1150      1160      1170      1180      1190
M TTGAGGGTCCCTACAAGGAGTACAGTGAGCAAGCCCAAGAGTGGGCCCGCTATACTGACCCGGTACCCAG
  :::::      ::      :::::      :::::      ::      ::      ::      ::
H -TGAAG-----ACA--GAGTAC-----CTGGCC---TTTGGCTCAACGAACCTCACTTTGTA---GG
790      800      810      820      830
1200      1210      1220      1230      1240      1250      1260
M CCCTCGGCCTGTTCTGTATCAACAACCTGGCACCAGACAATGGCTACACCAGTTCCTTGGAACTGCCG
  :      :::::      :::::      ::::      :::::      ::      ::      ::
H C--TCTGCCTA-----TGTA-C-----CTGA-----GAGT-GTGGGCAGCTTCA---CGGGGGACGAC--
840      850      860      870      880
1270      1280      1290      1300      1310      1320      1330
M GACAACACCCCTCAACTTCATCAAGAAGCACCCCTGATGGAGGACCAGGTGAAGCCTCGGTTGGGCCGCC
  :::::      :      :::::      :::::      ::::      :::::      ::::
H GACAAGGTCTACTTCTTCTCAGGGAGC-----GGGC--AGTGGAGTC-CGA-----
890      900      910      920
1340      1350      1360      1370      1380      1390      1400
M CCTTACTTGTGAAGAAGAACTAATTCACACACGTGGTGGCCGACAGGGTCCCAGGGCTTGATGGTGC
  :::::      ::      ::      :::::      :::::      ::      ::      ::
H --CTGCTA-----TGC--CGAGCAGGTGGTGGC-----TC-----GTGTGGC
930      940      950

```

Fig. 3L

```

1410      1420      1430      1440      1450      1460      1470
M CACCTATACAGTGTGTTTCATTGGTACAGGAGATGGCTGGCTGCTGAAGGCTGTGAGCCTGGGGCCCTGG
: . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H C--CGTGTCTG-----CAAGGG--C--GATATGGGGGGC-----GCA-----C--GGACCCCTG--
960      970      980      990

1480      1490      1500      1510      1520      1530      1540
M ATCCACATGGTGGAGGAACTGCAGGTGTTTGACCCAGGAGCCAGTGGAAAGTCTGGTGTCTCAGAGCA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----GAGGAA-----GTG-----GACCACGTTCCTG-----AAGGC-----GCGG---CTG-GCA
1000      1010      1020      1030

1550      1560      1570      1580      1590      1600      1610
M AGAAGTGCTCTTTGCTGGCTCCCGCTCTCAGCTGGTTCAGCTGTCTCTGCGCGACTGCACAAAGTACCG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H -----TGCTCT-----GC-CCCGAACT-GGCAG-CTCTACT-TCA---ACCAGCTGCA---GG---CG
1040      1050      1060      1070      1080

1620      1630      1640      1650      1660      1670      1680
M TTTCTGTAGACTGTGTCCTGGCCAGGACCCTTACTGTGCCCTGGAATGTCAACACCAGCCGCTGTGTG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ATGC-----ACA---CCCTG--CAGGACACCT-----CCTGGCA---CAACACCACCTTCTTTTGGG
1090      1100      1110      1120      1130

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
M GCCACCACCAAGTGCCTCGGGGTCCCTTTCTGGTCCAACATGTGGCGAACTTGGACACTTCAAGATGT
: . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GTTT--TTCAA-----GCACAGTGG-----GGT--GACATGTACCTGTC---GGC-CATCTG---TGA
1140      1150      1160      1170

```

Fig. 3M

```

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
M GTAACCAAGTATGGCATTAATAAAGTCAGATCTATTCCCAAGAACAATCACCGTTGTGTGTCAGGCACAGACCT
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H GTA-CCAGT-TGG-----AAG--AGATC-----CAGCG--GGTGTTTGAGG-----
1180      1190      1200      1210

1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890
M GGTCCCTACCCCTGCCACCTCTCGTCCAAATTGGCCCCATGCCCCACTGGACCTTCGGAAGCCAGGACCTGCCT
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H -----GCC-----CCTATAAGGA--GTACC---ATGA-----GGAAGC-----CCA
1220      1230      1240

1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
M GCAGAAACAACCTGGCTCCCTTTCTTTATGACACGGGACTCCAGGGCGCTGGTGTGATGGCCGCACAGTCCC
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GAA GTGGGACC--GCTAC--ACT---GACCCCTGTAC-CCAGGCCCTGTTGTGATGGCTGCCCGCAGCCCC
1250      1260      1270      1280      1290      1300

1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
M GTCACCTCTGGACCCCTATCGTTGCTATTTCAGAGAGCAGGGGACAAAGACTGGCTGCAGAAAGCTACCTTGT
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GCCATGCCGGGGCCTACCACTGCTTTTCAGAGAGCAGGGGGCGCGGCTGGCTGCTGAAGGCTACCTTGT
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
M TGCTGTCTGGCCGGCTCGTTCGGTGACACTGGAGGCACGGGCTCCCTTGAAAAACCTGGGGCTCGTGTGG
  : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GGCTGTCTGGCAGGCCCGTTCGGTGACCTTGAGGCCCGGGCCCCCTGGAAACCTGGGGCTGGTGTGG
1380      1390      1400      1410      1420      1430      1440

```

Fig. 3N

Fig. 30

Fig. 3P

Fig. 3Q

```

3140      3150      3160      3170      3180      3190      3200
M GGGAGTGGGACTCGGGGTGGCCCTAGCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGCGGGGTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGGAGTGCAGGGCT-TGGGGTGGCCCTAGTCCCTGCTCCTAGGGCTGTGAATGTTTTCAGGGTGGGGGA
2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550

3210      3220      3230      3240      3250      3260      3270
M GGGGTGGAGATGGAACCTCCTGC--TTCAGGGGAGGGGTGGGCAGGGCCTCCCACCTTGCCCTCCGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H GGG-----AGATGGAGCCTCCTGTGTGTTTGGGGGGAAGGTGGGTGGGGCCTCCCACCTTGCCCCCGGGG
2560      2570      2580      2590      2600      2610

3280      3290      3300      3310      3320      3330
M TTCGGTGGTATTTTATATTTCGGCTCTTC-TG-ACAGGCTGGGAAGG--TTGTTGGGGAGGGAAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H TTCAGTGGTATTTTATACTTGCCCTTCTTCCTGTACAGGCTGGGAAGGCTGTGTAGGGGAGAGAAGG
2620      2630      2640      2650      2660      2670      2680

3340      3350      3360      3370      3380      3390      3400
M AGGAGTGGGCATGCTATGGATACTGGCCCTATCCTCTCCTCTGCTCTGGGAAAAGGCT---AACAGTGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H AGAGGTGGCCCTGCTGTGGACAATGGCACTACTCTCTCCAGCCCTAGGAGAGGGCTCCTAACAGTGA
2690      2700      2710      2720      2730      2740      2750

3410      3420      3430      3440      3450      3460      3470
M ACTATTGTGCCACATATTATTGTTGTAAATATTGAGTATTTTATATTGACAAAATAAATGGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H ACTTATTGTCCCCGCTATTATTGTTGTAAATATTGAG-ATTTTATATTGA-----
2760      2770      2780      2790      2800      2810

```

Fig. 3R

GTCGACCCACGCGTCCGCGGACGCGTGGCGCGCGGGGCCCATCCAGACCCCTGCGGAGAGCGGCCCGGAGCGTCCGCC	79
GAGGTTTGAGGGCGCGGAGACCGAGGGCCTGGCGGCGCGAAGAACCCGCCCCAAGAGACCTCTGGCCCCGGGGCTGC	158
TGGAACATGTGCGGGGGACACAGTTTGTGACAGTTGCCAGACT ATG TTT ACG CTT CTG GTT CTA CTC	228
S Q L P T V T L G F P H C A R G P K A S	28
AGC CAA CTG CCC ACA GTT ACC CTG GGG TTT CCT CAT TGC GCA AGA GGT CCA AAG GCT TCT	288
K H A G E E V F T S K E E A N F F I H R	48
AAG CAT GCG GGA GAA GAA GTG TTT ACA TCA AAA GAA GAA GCA AAC TTT TTC ATA CAT AGA	348
R L L Y N R F D L E L F T P G N L E R E	68
CGC CTT CTG TAT AAT AGA TTT GAT CTG GAG CTC TTC ACT CCC GGC AAC CTA GAA AGA GAG	408
C N E E L C N Y E E A R E I F V D E D K	88
TGC AAT GAA GAA CTT TGC AAT TAT GAG GAA GCC AGA GAG ATT TTT GTG GAT GAA GAT AAA	468
T I A F W Q E Y S A K G P T T K S D G N	108
ACG ATT GCA TTT TGG CAG GAA TAT TCA GCT AAA GGA CCA ACC ACA AAA TCA GAT GGC AAC	528

Fig. 4A

R E K I D V M G L L L T G L I A A G V F L 128
 AGA GAG AAA ATA GAT GTT ATG GGC CTT CTG ACT GGA TTA ATT GCT GCT GGA GTA TTT TTG 588

 V I F G L L G Y Y L C I T K C N R L Q H 148
 GTT ATT TTT GGA TTA CTT GGC TAC TAT CTT TGT ATC ACT AAG TGT AAT AGG CTA CAA CAT 648

 P C S S A V Y E R G R H T P S I I F R R 168
 CCA TGC TCT TCA GCC GTC TAT GAA AGG GGC AGG CAC ACT CCC TCC ATC ATT TTC AGA AGA 708

 P E E A A L S P L P P S V E D A G L P S 188
 CCT GAG GAG GCT GCC TTG TCT CCA TTG CCG CCT TCT GTG GAG GAT GCA GGA TTA CCT TCT 768

 Y E Q A V A L T R K H S V S P P P Y P 208
 TAT GAA CAG GCA GTG GCG CTG ACC AGA AAA CAC AGT GTT TCA CCA CCA CCA CCA TAT CCT 828

 G H T K G F R V F K K S M S L P S H * 227
 GGG CAC ACA AAA GGA TTT AGG GTA TTT AAA AAA TCT ATG TCT TCT CTC CCA TCT CAC TGA 885

 CTACCTTGTCATTTTGGTATAAGAAATTGTGTATTGTGATAGCCGGCCATGGTGGCTCATGCCGTGTAATCCCAGCAC 964

 TTTGGAGGCCAGGAGTTCGAGACCAGCCTGGCCCAACATGGTGAAACCCGGTCTCTACTAAAAATTCAAAAAATTACCTA 1043

 GCGGTCATGGGCAATGCCCTGTAGTCCCACTACTTTGGAGGCTGAAGCAGGAGAAATTGCTCGAACCTGGAGGCAGAGG 1122

Fig. 4B

TTGCAGTAAGCTGAGATCACGCCACTGCATTCCAGCCTGGCGACAGAGCAAGACTCCATCTCAAAAATAAAAAA 1201
AAGAAAGAAAAGAAAAGAAAAGAGAAGAGAGAGATGAAGGAGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAA 1280
GAAGAAGAAGACCACAAGACATGACTATCCAACCTTTTATGACAAACTGCAAGGAATAAAGGAAGAATAAGTCCATG 1359
TACTGTACCACAGAAAGTTCTGTCTGCATCTTGACCTGAACTTGATCATTTATCAGCTTGATAAGAGACTTTTGACTCT 1438
ATATCCTTCGAGTTAAGAAGAAAGCACTTTTTTGTAATGTTTAAATGGTTCAAAAAAATCTTTCTTATAAAGAG 1517
CATAGGTAGAATTAGTGAACCTTTTGATCCTTTGTACAGATAAAGGTTATAGATTTCTTGTTGAATATTAAAAAAG 1596
CAAGGATGCTAACCATTAAGATTATCCAAAGTCAGGCTGGCGCAGTGGCTCACGCCCTGTAATCCCAGCACTTTTGGGA 1675
GGGATAGTGGCGGATCACCTGAGGTCAGAGTTTGAGACCAGCCTGGCCAAACATGGCAAAACCCCGTCTCTACAAA 1754
ATACAAAAGAAATTAGCCAGACATGATGGCGGTGCCCTCTAATCCAGCTACTGGGAGGCTGAGGTGGAGAAATCGCT 1833
TGAACCTCGGAGGTGGAGGTTGTAGTAGGCGAGATTGTGCCATTGCACCTCCAACCTGGCGCACAGAGTGAGACTCCAT 1912
CTCAAAAAAANAANAANAAGATTATCCAAAAAGATAATTGGACCCTACTCTTCTTAGGATTTTTTTGGCGGGGGT 1991
TAGAAATACTTCACAGAAATTGACATTTTCAGTATAAATCTGTGACCTTAATATAATAATCACTTGGTTTTATATGTTAAATT 2070
ATTGCACAGCAGTCATCATATTTTGCAGAGTTTAGTTCTTAACTCTTGCTGTCAGTCATGTTTTATTATAGGTAGTGGG 2149
GTCAGTAGTTTCTTCTTCAAAAAATACATATTTCATGAAGTTAGTTCTTCAAGAGATACAAGTTTGCAATGAAAAG 2228
GATTGCAAGGTTGTTATGCTATCAAATAAACACAGACCTAAAACTAGGAGACACTAGAACCTTAATGAAGTTGCCCTG 2307
TTACTGATTAGTAAATACTCCCATCTTCGTTGCAAAATTATCTCTGTATAAATACTACATATGATTAATTTGAAATTTGT 2386
TAAACTTCATAAGTAATAGTTTGAGAAATGTGGAANAAGTAATTTGCTTTTCTGCTCTTAAAAATAATATTGATTAAATGTT 2465
ACCAGAAAAAANAANAANAAGGGCGGGCGG

Fig. 4C

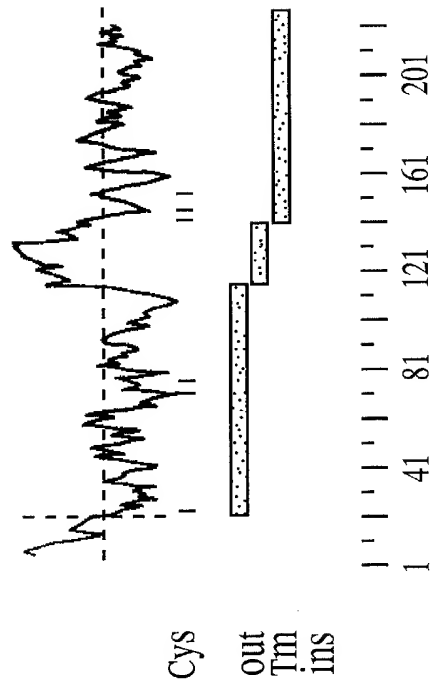


FIG. 4D

GTCGACCCAC	GGTCCGCTG	CGTTCTCACC	CCTGGACCAC	CCTGGGAGAA	CAGTTGACCG	60
AAGTTTGTTT	GGCAGTTGCT	GCTGGACT	ATG TTT CTG	CTT CTG	GTA CTC	112
	Met	Phe	Leu	Leu	Val Val Leu	
	1			5		
AGC CAG CTG	CCC AGA CTT	ACC CTC	GCG GTT	CCT CAT	ACA AGA AGC CTA	160
Ser Gln Leu	Pro Arg Leu	Thr Leu	Ala Val	Pro His	Thr Arg Ser Leu	
10	15	20				
AAG AAT TCT	GAA CAT GCC	CCA GAA	GGA GTC	TTT GCA	TCA AAA AAA GCA	208
Lys Asn Ser	Glu His Ala	Pro Glu	Gly Val	Phe Ala	Ser Lys Lys Ala	
25	30	35				
GCA AGC ATC	TTT ATG CAC	CGT CGC	CTC CTA	TAC AAT	AGA TTT GAT TTA	256
Ala Ser Ile	Phe Met His	Arg Arg	Leu Leu	Tyr Asn	Arg Phe Asp Leu	
45	50					
GAA CTC TTC	ACT CCC GGG	AAC CTG	GAG AGA	GAG TGC	TAT GAG GAG TTC	304
Glu Leu Phe	Thr Pro Glu	Asn Leu	Glu Arg	Glu Cys	Tyr Glu Glu Phe	
60	65	70				
TGT AGT TAT	GAA GAA GCC	AGA GAG	ATC CTC	GGG GAC	AAC GAA GAA ATG	352
Cys Ser Tyr	Glu Glu Ala	Arg Arg	Glu Ile	Leu Gly	Asn Glu Glu Met	
75	80	85				

Fig. 4E

ATC ACA TTC TGG CGG GAA TAT TCA GTC AAA GGA CCA ACC ACA AGA TCA	400
Ile Thr Phe Trp Arg Glu Tyr Ser Val Lys Gly Pro Thr Thr Arg Ser	
90 95 100	
GAT GTC AAC AAA GAG AAA ATT GAT GTT ATG GGC CTT CTG ACT GGC TTA	448
Asp Val Asn Lys Glu Lys Ile Asp Val Met Gly Leu Thr Gly Leu	
105 110 115 120	
ATT GCG GCT GGA GTA TTC TTG GTT GTT TTT GGC TTA CTT GGT TAC TAT	496
Ile Ala Ala Gly Val Phe Leu Val Val Phe Gly Leu Leu Gly Tyr Tyr	
125 130 135	
CTG TGT ATC ACC AAG TGT AAT AGG CAG CCA TAT CAA GGT TCT TCA GCT	544
Leu Cys Ile Thr Lys Cys Asn Arg Gln Pro Tyr Gln Gly Ser Ser Ala	
140 145 150	
GTC TAC ACA AGA AGG ACC AGG CAC ACA CCG TCC ATC ATC ATT TTC AGA ACC	592
Val Tyr Thr Arg Arg Thr Arg His Thr Pro Ser Ile Ile Phe Arg Thr	
155 160 165	
CAT GAG GAA GCT GTC TTG TCT CCA TCG TCA TCC TCA GAG GAC GCG GGA	640
His Glu Glu Ala Val Leu Ser Pro Ser Ser Ser Ser Glu Asp Ala Gly	
170 175 180	

Fig. 4F

CTA CCT TCC TAT GAA CAG GCA GTA GCT CTG ACC AGA AAA CAC AGT GTC	688
Leu Pro Ser Tyr Glu Gln Ala Val Ala Leu Thr Arg Lys His Ser Val	200
185	190
TCA CCA CCA CCT CCA TAT CCT GGG CCA GCA AAA GGA TTT AGG GTA TTT	736
Ser Pro Pro Pro Tyr Pro Gly Pro Ala Lys Gly Phe Arg Val Phe	210
205	215
AAA AAG TCA ATG TCA CTC CCA TCT CAC TAAGCCCACC TTGCCGCCCTT	783
Lys Lys Ser Met Ser Leu Pro Ser His	220
220	225
GCTGTGGTCT GAATAATATG TTCTTCCTGA AACAAACAACA ACAAATAAT TTGCTGTTC	843
AGCTTTTAT GACAAAGCAC AAGGAATAAA GGAACACTAT ATACAGAACA GAATTCACCA	903
CAGCCCCGCT TTCAGCTCTG CCCCCAACTG GATTGCTGTC TTGGTAAGAG ACTTCTACCG	963
TGCTTCCTCG AAGTTAAGAA GAAAGTGCCT TTTTGCAATG TAAACTGTAC TGGTTCAAAC	1023
ATTCTTGCTA CAGCTAGGTA CCTATAATCC CCACCTTCAG GAGACTTAGG CGGGAGGGAT	1083
GAGAGTTCAA GGCCAGCCTG GGCCCTGTCA GGACGCTGTC TCAAAACAACA GTTTGTTATC	1143
AATAGAATAA TTAGAATTAA CAAACTAGGA TTTTCAGTCT TAAGTCATGA TATTGGATCT	1203
TCTCTTCAGT AAGGTTTCTT TTTGGCTAGA AATACTTCAT AGAATTGTAC ATTTTGGTAT	1263
ACATCTGTGG CCTTGATACA ATGACTTGAT TTTCTGTGTTT AATTAGTGCA GAGGATTGAG	1323
CAAAATTGCA GGTCTTCATT TTGTTCCCTC GCTATCCATC GATCATGTTT CAGTGTATTA	1383
AGAGGAGTCA GCCAGGCGTG GTGGCCACCA CCTGTGATCC CAGCACTTAG GGGGCGATAG	1443
GCAGGCAGAT CTCTGTGAGC TGAAGGACAG CCTGGCCTAC AAAGTCCAGG ACAACCGAGA	1503
CCACACAGAG AAACCTTGTC TTGAAAAACA AAACAAAAAC AAGAGAGAGA GAGAGAGAGA	1563

Fig. 4G

GAGAAAAGAG ATGTCAAGAG GTTTTGTGT TTTTTTTTT AAATTACTAT TTATGGGCCT 1623
CACTTGGAAG AGTGCTTGCC ATGCAAAATAG AAGGACAGGA GTTCAATCCT CATTACCCAC 1683
ATTTGAAACA AATAACAAGA AAAACAAACC AAAAAACCAA AACAAACAAA ATCTTGAGAA 1743
CTTGAGTGAA TACCGGTAACT CTCAGGGCTA GGCACTGTAA CTGAATCAGG AGCCTCCAGA 1803
TCCAGGGAAA CGCTGTCTCA ACAAATAAAT AAATAAGTAA GTCAGTGAGG TGGTCTTTAA 1863
ACCCAGCACT TGAGAGCCAA AGCAGGCAG AGCTCAGTGA GTTGGAGACC AGCCTGGTCT 1923
ACAAAGCAAG TTCTAAGGA GCCAGGGCAC AGAGAAACCC TGTCTGAAGG AAAAAAAAAA 1983
AAAAAAAAAG GCGGCCGC 2002

Fig. 4H

```

G      1  ATGTTTCTGCTTCTGGTGGTACTCAGCCAGCTGCCCAGACTTACCCCTCGC  50
      |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
H      1  ATGTTTACGCTTCTGGTTCCTACTCAGCCAACTGCCACAGTTACCCCTGGG  50

G     51  GGTTCCTCAT...ACAAGAAGCCCTAAAGAAATCTGAACATGCCCCCAGAAG  97
      |  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
H     51  GTTCCCTCATTGCGCAAGAGGTCCAAAGGCTTCTAAGCATGCGGGAGAAG  100

G     98  GAGTCCTTGCATCAAAAAAGCAGCAAGCATCTTTATGCACCGTCGCCCTC  147
      |||  |||  |||||  |||  |||||  |||  |||||  |||  |||||  |||  |||||
H    101  AAGTGTTTACATCAAAAAGAAGCAAACTTTTTCATACATAGACGCCCTT  150

G    148  CTATACAATAGATTTGATTTAGAACTCTTCACCTCCCGGAACCTGGAGAG  197
      ||  ||  |||||  |||||  ||  |||||  |||||  |||||  |||||  ||  ||
H    151  CTGTATAATAGATTTGATCTGGAGCTCTTCACCTCCCGCAACCTAGAAAG  200

G    198  AGAGTGCTATGAGGAGTTCTGTAGTTATGAAGAAGCCAGAGAGATCCTCG  247
      |||||  |||||  |||  ||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  ||
H    201  AGAGTGCAATGAAGAACTTTGCAATTATGAGGAAGCCAGAGAGATTTTGTG  250

```

Fig. 4I

```

G   248 GGGACAAACGAAGAAATGATCACAATTCTGGCGGGGAATATTTCAGTCAAAGGA 297
      ||| | || ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   251 TGGATGAAGATAAAACGATTGCATTTTGGCAGGAATATTTCAGCTAAAGGA 300

G   298 CCAACCACAAGATCAGATGTCAACAAGAGAAAAATTGATGTTATGGGCCT 347
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   301 CCAACCACAATAATCAGATGGCAACACAGAGAAAAATAGATGTTATGGGCCT 350

G   348 TCTGACTGGCTTAATTGCGGCTGGAGTATCTTGGTTGTTTGGCTTAC 397
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   351 TCTGACTGGATTAAATTGCTGCTGGAGTATTTTGGTTATTTTGGATTAC 400

G   398 TTGGTTACTATCTGTGTATCACCAAGTGTAATAGGCAGCCATATCAAGGT 447
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   401 TTGGCTACTATCTTTGTATCACTAAGTGTAATAGGCTACAACATCCATGC 450

G   448 TCTTCAGCTGTCTACACAAGAAGGACCAGGCACACACCCGTCCATCATTTT 497
      ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
H   451 TCTTCAGCCGCTCTATGAAAGGGG...AGGCACACTCCCTCCATCATTTT 497

```

Fig. 4J

```

G      498 CAGAACCCATGAGGAAGCTGTCTTGTCTCCAT...CGTCATCCTCAGAGG 544
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      498 CAGAAGACCTGAGGAGGCTGCCCTTGTCTCCATTGCCGCCCTTCTGTGGAGG 547

G      545 ACGCGGACTACCTTCCTATGAACAGGCAGTAGCTCTGACCAGAAAACAC 594
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      548 ATGCAGGATTACCTTCTTATGAACAGGCAGTGGCGCTGACCAGAAAACAC 597

G      595 AGTGTCTCACCCACCCTCCATATCCTGGGCCAGCAAAAGGATTAGGGT 644
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      598 AGTGTTTCACCACCACCACCATTATCCTGGGCACACAAAAGGATTAGGGT 647

G      645 ATTTAAAAAGTCAATGTCACTCCCCTCTCAC 675
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
H      648 ATTTAAAAAATCTATGTCTCTCTCCCCTCTCAC 678

```

Fig. 4K

```

G 1 MFLLLVLSQLPRLTLAVPH.TRSIKNSEHAPEGVFASKKAASIFMHRRL 49
  || |||.|||||.|| || |||.|||.|||.|||.|||.|||.|||.|||.
H 1 MFTLLVLLSQLPTVTILGFPHCARGPKASKHAGEEVFTSKEEANFFIHRRL 50

G 50 LYNRFDELFTPGNLERECYEEFCSEEEAREILGDNEEMITFWREYSVKG 99
  ||||| ||||| ||||| |||.|||||.|||.|||.|||.|||.|||.|||.
H 51 LYNRFDELFTPGNLERECNEELCNVEEAREIFVDEDKTIAFWQEYSAGK 100

G 100 PTTRSDVNKEKIDVMGLLTGLIAAGVFLVVFGLLGYLCTKCNRPYQG 149
  |||: |||: ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| :
H 101 PTTKSDGNREKIDVMGLLTGLIAAGVFLVIFGLLGYLCTKCNRLQHPC 150

G 150 SSAVYTRRTRHTPSIIFRTHHEEAVLSP.SSSSEDAGLPSYEQAVALTRKH 198
  ||||| | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 151 SSAVY.ERGRHTPSIIFRRPEEAALSPLPPSVEDAGLPSYEQAVALTRKH 199

G 199 SVSPPPPPYPGPAKGFRVFKKMSMLPSH 225
  ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
H 200 SVSPPPPPYPGHTKGFRVFKKMSMLPSH 226

```

Fig. 4L

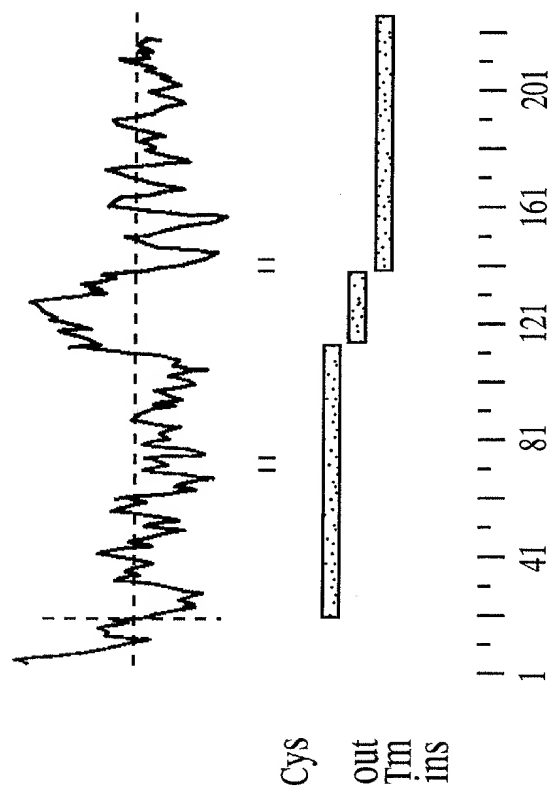


FIG. 4M

GTCGACCCACGCGTCCGGAATGTCGTTCTTCAGATTAAAGAAACCTTTACTGAATCAGCTGAGTGTTAATAATA	79
CGAATTTCTTCTTGCCAAATTTCTGATCTGAACAGAAAAATCCAAGAACAGGGAT ATG TGT GGA TTA CAG TTT	6 152
S L P C L R L F L V V T C Y L L L L L L H	26
TCT CTG CCT TGC CTA CGA CTG TTT CTG GTT GTT ACC TGT TAT CTT TTA TTA CTC CAC	212
K E I L G C S S V C Q L C T G R Q I N C	46
AAA GAA ATA CTT GGA TGT TCG TCT GTT TGT CAG CTC TGC ACT GGG AGA CAA ATT AAC TGC	272
R N L G L S S I P K N F P E S T V F L Y	66
CGT AAC TTA GGC CTT TCG AGT ATT CCT AAG AAT TTT CCT GAA AGT ACA GTT TTT CTG TAT	332
L T G N N I S Y I N E S E L T G L H S L	86
CTG ACT GGG AAT AAT ATA TCT TAT ATA AAT GAA AGT GAA TTA ACA GGA CTT CAT TCT CTT	392
V A L Y L D N S N I L Y V Y P K A F V Q	106
GTA GCA TTG TAT TTG GAT AAT TCT AAC ATT CTG TAT GTA TAT CCA AAA GCC TTT GTT CAA	452
L R H L L Y F L F L N N N F I K R L D P G	126
TTG AGG CAT CTA TAT TTT CTA TTT CTA AAT AAT AAT TTC ATC AAA CGC TTA GAT CCT GGA	512

49/109

Fig. 5A

50 / 109

I	F	K	G	L	L	N	L	N	L	Y	L	Q	Y	N	Q	V	S	F	146	
ATA	TTT	AAG	GGA	CTT	TTA	AAT	CTT	CGT	AAT	TTA	TAT	TTA	CAG	TAT	AAT	CAG	GTA	TCT	TTT	572
V	P	R	G	V	F	N	D	L	V	S	V	Q	Y	L	N	L	Q	R	N	166
GTT	CCG	AGA	GGA	GTA	TTT	AAT	GAT	CTA	GTT	TCA	GTT	CAG	TAC	TTA	AAT	CTA	CAA	AGG	AAT	632
R	L	T	V	L	G	S	G	T	F	V	G	M	V	A	L	R	I	L	D	186
CGC	CTC	ACT	GTC	CTT	GGG	AGT	GGT	ACC	TTT	GTT	GGT	ATG	GTT	GCT	CTT	CGG	ATA	CTT	GAT	692
L	S	N	N	N	I	L	R	I	S	E	S	G	F	Q	H	L	E	N	L	206
TTA	TCA	AAC	AAT	AAC	ATT	TTG	AGG	ATA	TCA	GAA	TCA	GGC	TTT	CAA	CAT	CTT	GAA	AAC	CTT	752
A	C	L	Y	L	G	S	N	N	L	T	K	V	P	S	N	A	F	E	V	226
GCT	TGT	TTG	TAT	TTA	GGA	AGT	AAT	AAT	TTA	ACA	AAA	GTA	CCA	TCA	AAT	GCC	TTT	GAA	GTA	812
L	K	S	L	R	R	L	S	L	S	H	N	P	I	E	A	I	Q	P	F	246
CTT	AAA	AGT	CTT	AGA	AGA	CTT	TCT	TTG	TCT	CAT	AAT	CCT	ATT	GAA	GCA	ATA	CAG	CCC	TTT	872
A	F	K	G	L	A	N	L	E	Y	L	L	L	K	N	S	R	I	R	N	266
GCA	TTT	AAA	GGA	CTT	GCC	AAT	CTG	GAA	TAC	CTC	CTC	CTG	AAA	AAT	TCA	AGA	ATT	AGG	AAT	932
V	T	R	D	G	F	S	G	I	N	N	L	K	H	L	I	L	S	H	N	286
GTT	ACT	AGG	GAT	GGG	TTT	AGT	GGA	ATT	AAT	AAT	CTT	AAA	CAT	TTG	ATC	TTA	AGT	CAT	AAT	992

Fig. 5B

D L E N L N S D T F S L L K N L I Y L K 306
 GAT TTA GAG AAT TTA AAT TCT GAC ACA TTC AGT TTG TTA AAG AAT TTA ATT TAC CTT AAG 1052

 L D R N R I I S I D N D T F E N M G A S 326
 TTA GAT AGA AAC AGA ATA ATT AGC ATT GAT AAT GAT ACA TTT GAA AAT ATG GGA GCA TCT 1112

 L K I L N L S F N N L T A L H P R V L K 346
 TTG AAG ATC CTT AAT CTG TCA TTT AAT AAT CTT ACA GCC TTG CAT CCA AGG GTC CTT AAG 1172

 P L S S L I H L Q A N S N P W E C N C K 366
 CCG TTG TCT TCA TTG ATT CAT CTT CAG GCA AAT TCT AAT CCT TGG GAA TGT AAC TGC AAA 1232

 L L G L R D W L A S S A I T L N I Y C Q 386
 CTT TTG GGC CTT CGA GAC TGG CTA GCA TCT TCA GCC ATT ACT CTA AAC ATC TAT TGT CAG 1292

 N P P S M R G R A L R Y I N I T N C V T 406
 AAT CCC CCA TCC ATG CGT GGC AGA GCA TTA CGT TAT ATT AAC ATT ACA AAT TGT GTT ACA 1352

 S S I N V S R A W A V V K S P H I H K 426
 TCT TCA ATA AAT GTA TCC AGA GCT TGG GCT GGT GTA AAA TCT CCT CAT ATT CAT CAC AAG 1412

 T T A L M M A W H K V T T N G S P L E N 446
 ACT ACT GCG CTA ATG ATG GCC TGG CAT AAA GTA ACC ACA AAT GGC AGT CCT CTG GAA AAT 1472

51 / 109

Fig. 5C

52 / 109

T	E	T	E	N	I	T	F	W	E	R	I	P	T	S	P	A	G	R	F	466
ACT	GAG	ACT	GAG	AAC	ATT	ACT	TTC	TGG	GAA	CGA	ATT	CCT	ACT	TCA	CCT	GCT	GGT	AGA	TTT	1532
F	Q	E	N	A	F	G	N	P	L	E	T	T	A	V	L	P	V	Q	I	486
TTT	CAA	GAG	AAT	GCC	TTT	GGT	AAT	CCA	TTA	GAG	ACT	ACA	GCA	GTG	TTA	CCT	GTG	CAA	ATA	1592
Q	L	T	T	S	V	T	L	N	L	E	K	N	S	A	L	P	N	D	A	506
CAA	CTT	ACT	ACT	TCT	GTT	ACC	TTG	AAC	TTG	GAA	AAA	AAC	AGT	GCT	CTA	CCG	AAT	GAT	GCT	1652
A	S	M	S	G	K	T	S	L	I	C	T	Q	E	V	E	K	L	N	E	526
GCT	TCA	ATG	TCA	GGG	AAA	ACA	TCT	CTA	ATT	TGT	ACA	CAA	GAA	GTT	GAG	AAG	TTG	AAT	GAG	1712
A	F	D	I	L	L	A	F	F	I	L	A	C	V	L	I	I	F	L	I	546
GCT	TTT	GAC	ATT	TTG	CTA	GCT	TTT	TTC	ATC	TTA	GCT	TGT	GTT	TTA	ATC	ATT	TTT	TTG	ATC	1772
Y	K	V	V	Q	F	K	Q	K	L	K	A	S	E	N	S	R	E	N	R	566
TAC	AAA	GTT	GTT	CAG	TTT	AAA	CAA	AAA	CTA	AAG	GCA	TCA	GAA	AAC	TCA	AGG	GAA	AAT	AGA	1832
L	E	Y	Y	S	F	Y	Q	S	A	R	Y	N	V	T	A	S	I	C	N	586
CTT	GAA	TAC	TAC	AGC	TTT	TAT	CAG	TCA	GCA	AGG	TAT	AAT	GTA	ACT	GCC	TCA	ATT	TGT	AAC	1892
T	S	P	N	S	L	E	S	P	G	L	E	Q	I	R	L	H	K	Q	I	606
ACT	TCC	CCA	AAT	TCT	CTA	GAA	AGT	CCT	GGC	TTG	GAG	CAG	ATT	CGA	CTT	CAT	AAA	CAA	ATT	1952

Fig. 5D

V	P	E	N	E	A	Q	V	I	L	F	E	H	S	A	L	*	623
GTT	CCT	GAA	AAT	GAG	GCA	CAG	GTC	ATT	CTT	TTT	GAA	CAT	TCT	GCT	TTA	TAA	2003
CTCAACTAAATATTGTCATATAAGAAACTTCAGTGCCATGGACATGATTTAAACTGAAACCTCCTTATATATAATTATATAC																	2082
TTTAGTTGGAAATATAATGAATTATATAGAGGTAGCATTATTAAATAATGTTTTTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGG																	2161
GCGGCCGC																	2169

Fig. 5E

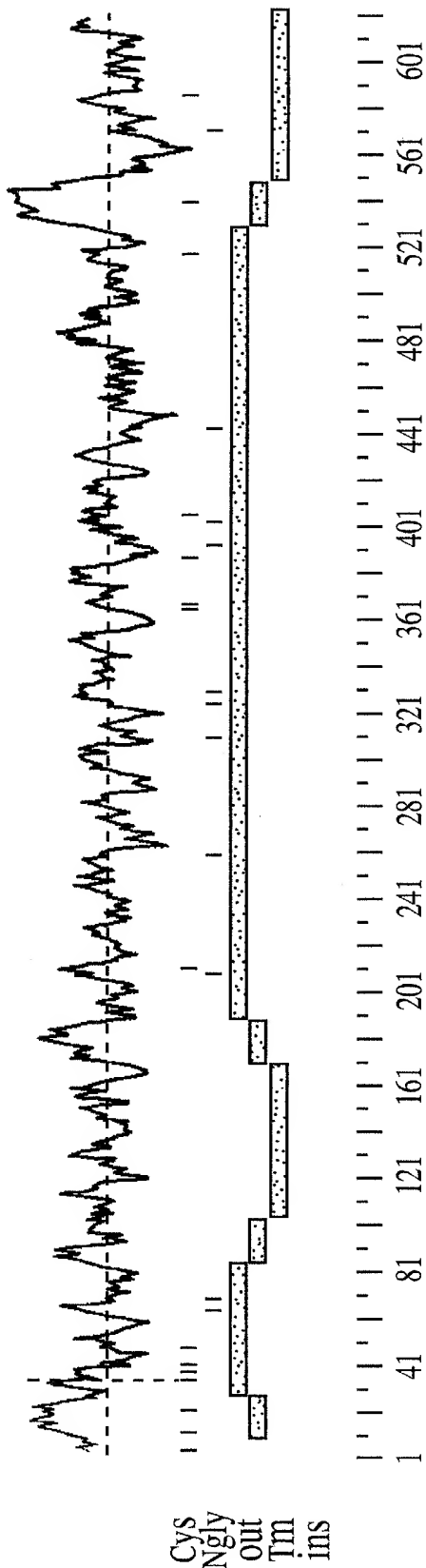


FIG. 5F

Fig. 5G

```

280      290      300      310      320      330      340
Slit AACTCSNNIVDCRGKGLTEIPTNLPETITEIRLEQNTIKVIPGAFSPYKKLRRIDLNNQISELAPDAF
325 -----LRILDLNNNI-----
      190

350      360      370      380      390      400      410
Slit QGLRSLNSLVLYGNKITELPKSLFEGFLSLQLLLNANKINCLRVDAFQDLHNLNLLSLYDNKLQTIAGK
      ::      ::      ::      ::      ::      ::
325 --LR-----ISE-----SGFQHLENLACL-----
      200

420      430      440      450      460      470      480
Slit TFSPLRAIQTMHLAQNPFCIDCHLKWLAADYLHTNPIETSGARCTSPRRLANKRIGQIKSKKFRCSAKEQY
      ::      ::      ::      ::      ::
325 -----YLGSN-----
      210

490      500      510      520      530      540      550
Slit FIPGTEDYRSKLSGDCFADLACPEKCRCEGTTVDCSNQKLNKIPEHIPQYTAELRLNNNEFTVLEATGIF
      ::      ::      ::      ::      ::
325 -----NLTKVP-----SNAFEVLKS-----
      220

```

Fig. 5H

Fig. 51

```

      840      850      860      870      880      890      900
Slit  GNDISVPEGAFNDLSALSHLAIGANPLYCDNCNMQLSDWVKSEYKEPGIARCAGPGEMADKLLITTPSK
      325 -----SSLIHLQANSNPWECNCKLLGLRDWLAS-----
           350      360      370

      910      920      930      940      950      960      970
Slit  KFTCQGPVDVNILAKCNPCLSNPCKNDGTCNSDPVDFYRCTCPYGFKGQDCDVPIHACISNPCKHGGTCH
           ... ..:
      325 -----SAITLNI-----Y-----CQNP-----PSMRG-----
           380                                390

      980      990      1000      1010      1020      1030      1040
Slit  LKEGEDGFWCICADGFEGENCEVNVDDCEDNDCENNSTCVDGINNYTCLCPPEYTGELCEEKLDFCAQD
           ... :
      325 -----RALRYI-----NITNCV-----
           400

      1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110
Slit  INPCQHDSKCILTPKGFKCDCTPGYVGEHCIDIDFDDCQDNKCKNGAHCTDAVNGYTCICPEGYSGLFCEE
           :...:
      325 -----TSSIN-----
           410

```

Fig. 5J

```

1120      1130      1140      1150      1160      1170      1180
Slit  SPPMVLPRTPCDNFDQNGAQCIVRINEPICQCLPGYQGEKCEKLVSVNFINKESYLQIPSAKVRPQTN
      .:. .
325  -----VSRAWA-----VVK-----SPHHKTTALMMAWHKV-----
      420      430

1190      1200      1210      1220      1230      1240      1250
Slit  ITLQIATDEDSGILLYKGDKDHIAVELYRGRVRASYDTGSHPASAIYSVETINDGNFHIVELLALDQSL
      .:. . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : .
325  -----TTNGSP-----LENTETENIT-----FWERIPTS-----PAGRFFQENAFGNP-LETTAVLPVQIQLT
      440      450      460      470      480

1260      1270      1280      1290      1300      1310      1320
Slit  LSVDGGNPKIITNLSKQSTLNFDSPLYVGGMPGKSNVASLRQAPGQNGTSHFGCIRNLYINSELQDFQKV
      :. : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : .
325  TSV-----TLNLEKNSALPNDA-----SMGKTSLI-----CT-----QEVEKL
      490      500      510      520

1330      1340      1350      1360      1370      1380      1390
Slit  PMQTGILPGCEPCHKVKVCAHGTCPSSQAGFTCECQEGWMGPLCDQRTNDPCLGNKCVHGTCLPINAFSY
      .:. .
325  NEAFDILLA-----F-----FIL
      530

```

Fig. 5K

```

1400      1410      1420      1430      1440      1450      1460
Slit  SCKCLEGHGVLCD EEDLFNPCQAICKKHGKCR LSGLGQPYCEC SSYTGDS CDREISCRGERIRDYYQ
      .:      .:      .:      .:      .:      .:      .:
325 AC-----VL-----IIFLIYKV VQFKQ---KLKA-----SENS-----RENRL-EYY-
      540      550      560      570

1470      1480      1490      1500      1510      1520
Slit  KQQGYAACQTK-KVSRLECRGGCAGGQCCG PLRSKRRKYSFE CTDGSSFVDEVEKVVKCGCTRCVS
      ..      :      :      :      :      :      :
325 ---SF--YQSARYNVTASICNTSPNSLES PGLEQIRLHK-----QIVPENEAQVI-LFEHSAL
      580      590      600      610      620

```

Fig. 5L

```
10      20      30      40      50      60      70
Slit  CAGAGCAGGTGGAGAGGGCGGTGGAGCGTGTGCCTGAGTGGGCTCTACTGCCTTGTTCCATATTATT
325  -----

80      90      100     110     120     130     140
Slit  TTGTGCACATTTTCCCTGGCACTCTGGGTTGCTAGCCCCCGGGCACTGGGCCCTCAGACACTGCGCGGT
325  -----

150     160     170     180     190     200     210
Slit  TCCCTCGGAGCAGCAAGCTAAAGAAAGCCCCCAGTGCCGGCGAGGAAGGCGCGGGGAAAGATGCGC
325  -----

220     230     240     250     260     270     280
Slit  GCGGTTGGCTGGCAGATGCTGTCCCTGTGCTGGGTTAGTGCTGGCGATCCTGAACAAGGTGCCACCGC
      ::::
325  -----GTCG-----ACC--
```

Fig. 5M-1

```

290      300      310      320      330      340      350
Slit AGGCGTGCCGGCGCAGTGCTCTTGCTCGGGCAGCACAGTGGACTGTACGGGCTGGCGTGCGCAGCGT
325 -----CAG-----CGT
      10

360      370      380      390      400      410      420
Slit GCCCAGGAATATCCCCGCAACACCGAGAGACTGGATTAAATGGAATAACATCACAGAATTACGAAG
      :::::::::::
325 --CCGGAAATGTC-----
      20

430      440      450      460      470      480      490
Slit ACAGATTTTGTGCTCTTAGACATCTAAGAGTTCTTCAGCTTATGGAGAAATAAGATTAGCACCATTGAAA
      :::::::::::
325 -----GTTCTTCAGATTTAAAAAGAAAA-----CCTTTA-----
      30      40      50

500      510      520      530      540      550      560
Slit GAGGAGCATTCAGGATCTTAAAGAACTAGAGAGACTGCCGTTTAAACAGAAATCACCTTCAGCTGTTTCC
      :::::::::::
325 -----CTGAATC-----AGCT-GAGTG-----TTAAT-----AATACG-----AATTTC
      60      70      80

```

Fig. 5M-2

```

570      580      590      600      610      620      630
Slit TGAGTTGCTGTTTCTTGGGACTGCGAAGCTATACAGGCTTGATCTCAGTGAAAACCAAATTCAGGCAATC
:      :      :      :      :      :      :
325 T-----TTTCTTG---C--CAATTCTGATCTGA-----ACAGA-AAATCCAAGAACAGG-----
90      100      110      120      130

640      650      660      670      680      690      700
Slit CCAAGGAAAGCTTTCCTGGGGCAGTTGACATAAAAAAATTGCAACTGGATTACAACCAAGATCAGCTGTA
:      :      :      :      :      :      :
325 -----GATATGTG-----TGGATTACA-----GTT
140      150

710      720      730      740      750      760      770
Slit TTGAAGATGGGGCATTCAAGGGCTCTCCGGGACCTGGAAGTGCTCACTCTCAACAATAACAACATTACTAG
::      :      :      :      :      :      :
325 TT-----CTCT-----GCGT-----TGC-----CTACGA-----
160      170

780      790      800      810      820      830      840
Slit ACTTCTGTGGCAAGTTTCAACCATAATGCCCTAAACTTAGGACTTTTCGACTGCATTCAAACAACCTGTAT
:      :      :      :      :      :      :
325 -----CTGTTTCTGGTTGTTACCTGTTA-----TCCTTT-----AT
180      190      200

```

Fig. 5M-3

```

      850      860      870      880      890      900      910
Slit TGTGACTGCCACCTGGCCTGGCTCTCCGACTGGCTTCGCCAAAGCCCTCGGTTGGTCTGTACTCAGT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 TATTACT-CCACAAAG-----AAATAC-----TTGGA-TGTTCTG-TC--T
      210      220      230

      920      930      940      950      960      970      980
Slit GTATGGCCCCCTCCACCTGAGAGGCCATAATGTAGCCGAGGTTCAAAAACGAGAAATTGTCTGCAGTGG
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 GTTTG-----TC-----AGC-----TCTGCACCTGG
      240      250

      990      1000      1010      1020      1030      1040      1050
Slit TCACCAGTCAATTATGGCTCCTTCTTGTAGTGTTTTGCACTGCCCTGCCGCTGTACCTGTAGCAACAAT
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 G-----AGACAAATTA-----ACTGCC-----GTAACCTTAGGC-----
      260      270      280

      1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120
Slit ATCGTAGACTGTCGTGGAAAGTCTCACTGAGATCCCCACAAATCTTCCAGAGACCATCACAGAAATAC
      :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
325 -----CTTTCGAG-----TATTC---CTAAGA-----ATTTTCCTGAAA--GT-ACAGTTTTC
      290      300      310      320

```

Fig. 5M-4

Fig. 5M-5

Fig. 5M-6

```

1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750
Slit  CGATCAAAATTAAGTGGAGACTGCTTTGCGGATCTGGCTTGCCCTGAAAAGTGTGCTGTGAAGGAACCA
      :::::.....
      :.....:
325  -GATCTAGTTT-----CAGTTCAG-----
      600      610

1760      1770      1780      1790      1800      1810      1820
Slit  CAGTAGATTGCTCTAATCAAAAGCTCAACAAAATCCCGAGCACATTCGCCAGTACACTGCAGAGTTGCG
      :::::.....
      :.....:
325  -----TACTTAAATCTA-----CAAA-----GGAA-----TCGCCT-----CACTG-----
      620      630      640

1830      1840      1850      1860      1870      1880      1890
Slit  TCTCAATAAATGAATTTACCGTGTGGAAGCCACAGGAATCTTTAAGAAACTTCCTCAATTACGTAAA
      :::::.....
      :.....:
325  -----TCC-----TTGGGAG-----TGG-----TACCT-----
      650      660

1900      1910      1920      1930      1940      1950      1960
Slit  ATAAACTTTAGCAACAATAAGATCACAGATATTGAGGAGGGAGCATTTGAAGGAGCATCTGGTGTAATG
      :::::.....
      :.....:
325  -----TTGTTGGTATGGTTGCT-----CTTCGG-----
      670      680

```

Fig. 5M-7

```

1970      1980      1990      2000      2010      2020      2030
Slit AAATACTTCTTACGAGTAATCGTTTGGAAAATGTGCAGCATAAGATGTTCAAGGGATTGGAAAGCCTCAA
      :::::      :: :::::
325 --ATACTT-----GATTATC-----A
      690

2040      2050      2060      2070      2080      2090      2100
Slit AACTTTGATGTTGAGAAGCAATCGAATAACCTGTGTGGGAATGACAGTTTCATAGGACTCAGTTCTGTG
      :::      :::::      :: :::::      :::::
325 AAC-----AATAAC--ATTTGAGGATATCAGAATCAG-----
      700      710      720

2110      2120      2130      2140      2150      2160      2170
Slit CGTTTGCTTCTTGTATGATAATCAAATTACTACAGTTGCACCAGGGCATTTGATACTCTCCATTCTT
      :::::
325 -----GCTTTC-----
      730

2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240
Slit TATCTACTCTAAACCTCTTGGCCAATCCTTTTAACTGTAACCTGCTACCTGGCTTGGTTGGGAGAGTGGCT
      ::: :::::      :::::      :::::      :::::
325 -----AACATCTTGA--AAACCTT-----GCTTGTTTGTAT-----T
      740      750      760

```

Fig. 5M-8

```

2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310
Slit  GAGAAAGAGAGAAATTGTCACGGGAAATCCTAGATGTCAAAAACCATACTTCCTGAAAGAAATACCCATC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 TAGGAAGTAATAATTTA--ACAAAAGTACC-----ATCAAATGCCCTTT-----GAAGTAC-----
      770      780      790      800      810

2320      2330      2340      2350      2360      2370      2380
Slit  CAGGATGTGGCCATTTCAGGACTTCACCTTGATGACGGAAATGATGACAATAGTTGCTCCCACTTTCTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TTAAAAGTCCTT-----AGAAAGACTTT-----CTTTGTCTC
      820      830      840

2390      2400      2410      2420      2430      2440      2450
Slit  GCTGTCCCTACTGAATGTACTTTGCTTGGATACAGTCGTCCTCGATGTAGCAACAAGGTTTGAAGGCTTTGCC
      . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ATAATCCTATTGAA-----GCA---ATACAG-C--CCTTTG---CA-----TTTAAAGGACTTGCC
      850      860      870      880      890

2460      2470      2480      2490      2500      2510      2520
Slit  GAAAGGTATTCCAAGAGATGTCACAGAGTTGTATCTGGATGGAACCAATTACACTGGTTCCCAAGGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AA-----TCTGGA---ATACC-----TCC-----
      900

```

Fig. 5M-9

```

2530      2540      2550      2560      2570      2580      2590
Slit CTCCTCCAACACTACAAACATTTAAACACTTATAGACTTAAGTAACAACAGAATAAGCACGCTTTCTTAATCAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ---TCCTGAAAAAATTCAAGAA-----TTAGGA---ATGTTACTA-GGGATGGG-----TTTAGT--GG
      910      920      930      940      950

2600      2610      2620      2630      2640      2650      2660
Slit GCTTCAGCAACATGACCCAGCTCCTCACCTTAATTCTTAGTTACAACCGTCTGAGATGTATTCCTCCTCG
      . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AATTAATAATCTTAA-----ACATTTGATCTTAA-----GTCA-TAATGA-----
      960      970      980      990

2670      2680      2690      2700      2710      2720      2730
Slit CACCTTTGATGGATTAAAGTCTCTTCGATTACTTTCTCTACATGGAATGACATTTCTGTGTGCCTGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ----TTAGAGAAATTTAAAT----TCTGACACATTCAGT--TTGTTAAAGA-ATT--TAATTTACCTTAA
      1000     1010     1020     1030     1040     1050

2740      2750      2760      2770      2780      2790      2800
Slit GGTGCTTTCAATGATCTTTCTGCATTATCACATCTAGCAATTGGAGCCCAACCCTCTTTACTGTGATTGTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 G-----TTAGATAGAA---ACAGAAATAAT-----TAGCATT-----GATAATGAT
      1060      1070      1080

```

Fig. 5M-10

```

2810      2820      2830      2840      2850      2860      2870
Slit ACATGCAGTGGTTATCCGACTGGGTGAAGTCGGAATATAAGGAGCCTGGAATTGCTCGTTGTGCTGGTCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACAT-----TTGAAAATATGGGAGCAT-----CTTTGAA--GATCC
      1090      1100      1110      1120

2880      2890      2900      2910      2920      2930      2940
Slit TGGAGAAATGGCAGATAAACTTTTACTCACAACCTCCCTCCAAAAAATTTACCTGTCAAGGTCCTGTGGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TAATCTGTGCAT-----
      1130

2950      2960      2970      2980      2990      3000      3010
Slit GTCAATATTCTAGCTAAGTGAACCCCTGCCTATCAAATCCGTGTAAAAAATGATGGCACATGTAATAGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -TTAATAATCTTACA-----GCCTTGC--ATCCAAG-----G
      1140      1150      1160

3020      3030      3040      3050      3060      3070      3080
Slit ATCCAGTTGACTTTTACCGATGCACCTGTCCATATGGTTTCAAGGGCAGGACTGTGATGTCCCAATTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 GTCC-----TTAAGCCGT-----TGTC-----TTCATTG-----ATTCA
      1170      1180      1190

```

Fig. 5M-11

```

3090      3100      3110      3120      3130      3140      3150
Slit  TGCCTGCATCAGTAACCCATGTAAACATGGAGGAACCTTGCCACTTAAAGGAAGGAGAAAGATGGATTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----CTTCAGG-----CAAATT-----CTAATC-CTT-----GGGAATGTAAGTGCACAAAC
      1200      1210      1220      1230

3160      3170      3180      3190      3200      3210      3220
Slit  TGGTGTAATTGTGCTGATGGATTGAAGGAGAGAAAATTGTGAAGTCAACGTTGATGATTGTGAAGATAATG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 T-----TTTGGGC-----CTTCGA-----G
      1240

3230      3240      3250      3260      3270      3280      3290
Slit  ACTGTGAAAATAATTCTACATGTGTCGATGGCATTAATAACTACACATGCCCTTTGCCACCTGAGTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 ACTG-----GC-----TAGCAT-----CTTCA--GCCATTAC-----
      1250      1260      1270

3300      3310      3320      3330      3340      3350      3360
Slit  AGGTGAGTTGTGTGAGGAGAAAGCTGGACTTCTGTGCCCCAGGACCTGAACCCCTGCCAGCACGATTCAAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TCTAAACATCTATT-----GTCAGAAATCCCC-----
      1280      1290

```

Fig. 5M-12


```

3370      3380      3390      3400      3410      3420      3430
Slit  TGCATCCTAACTCCAAAGGATTCAAATGTGACTGCACACCCAGGTACGTAGGTGAACACTGCGACATCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  --CATCCATGC-----GTGGCAGAGCA-----TTACGTT-----
1300      1310      1320

3440      3450      3460      3470      3480      3490      3500
Slit  ATTTGACGACTGCCAAGACAAACAAGTGTAACGAGCCCACTGCACAGATGCAGTGAACGGCTATAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATATTAAC-----ATTACAAATTGTGTTA-----CATCTTCA-----ATAA
1330      1340      1350      1360

3510      3520      3530      3540      3550      3560      3570
Slit  GTGCATATGCCCCGAAGGTTACAGTGGCTTGTCTGTGAGTTTCTCCACCCATGGTCCCTCCCTCGTACC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  ATGTAT-----CCAGAG-----CTTGGGCT-GTT-----GTAAAAATCTCCTC--ATATTCAATCACAAGA--C
1370      1380      1390      1400      1410

3580      3590      3600      3610      3620      3630      3640
Slit  AGCCCCGTGATAAATTTTGATTGTCAGAAATGGAGCTCAGTGTATCGTCAGAAATAAATGAGCCAAATATGTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325  TAC---TGGCGCTAAT---GATGGCCCTG-----GCATAAAGTAAC--CA-----CAA-ATGGC
1420      1430      1440      1450

```

Fig. 5M-13

```

3650      3660      3670      3680      3690      3700      3710
Slit AGTGTTCCTGGCTATCAGGGAGAGAAAAGTGTGAAATTTAGTTAGTTATATAACAAAGAGTC
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AGT-----CCT--CT-----GGAAAATACTGAGAC-----TGAGAACATTACTTTCTGGGAA--
1460      1470      1480      1490      1500

3720      3730      3740      3750      3760      3770      3780
Slit TTATCTTCAGATTCCCTTCAGCCCAAGTTTCGGCCTCAGACGAACATAACACTTCAGATTGCCACAGATGAA
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----CGAATTCCTAC-----TTCACCTGCTGGTAGA-TTTTTCAGAGAAATGCCCTTTGGTAA-
1510      1520      1530      1540      1550

3790      3800      3810      3820      3830      3840      3850
Slit GACAGCGGAATCCTCTGTATAAGGTGACAAAGACCATATCGCGGTAGAACTCTATCGGGGCGTGTTC
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TCCATTA-----GAGACTA-----CA----GCAGTGTAC-CTGT-----GCAAATAC
1560      1570      1580      1590

3860      3870      3880      3890      3900      3910      3920
Slit GTGCCAGCTATGACACCGGCTCTCATCCAGCTTCTGCCATTACAGTGTGGAGACAATCAATGATGGAAA
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AA-CTTACTA-----CTTCTGTTACCTTGAAC-T---TGGAAAAAACAAGTGCT-----
1600      1610      1620      1630

```

Fig. 5M-14

```

3930      3940      3950      3960      3970      3980      3990
Slit CTTCCACATTGTGGAACACTACTTGCCTTGGATCAGAGTCTCTCTTTGTCCGTGGATGGTGGAAACCCCAA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 CTACCG---AATGATGCTGCTT-----CAATGTC-----AGGGAA-----
1640      1650      1660

4000      4010      4020      4030      4040      4050      4060
Slit ATCATCACTAACTTGTCAAAGCAGTCCACTCTGAATTTTGACTCTCCACTCTATGTAGGAGCATGCCAG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 AACATCTCTAATTGT-----ACACAAGAAAGTTGA-----
1670      1680      1690

4070      4080      4090      4100      4110      4120      4130
Slit GGAAGAGTAACGTGGCATCTCTGCGCCAGGCCCTTGGCAGAACGGAACAGCTTCCACGGCTGCATCCG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -GAAGTTGAATGAGGCTT-----TTGACATTTTG---CTAGCTT-----
1700      1710      1720      1730

4140      4150      4160      4170      4180      4190      4200
Slit GAACCTTTACATCAACAGTGAGCTGCAGGACTTCCAGAAGGTGCCGATGCAAAACAGGCATTTTGCCTGGC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
325 -----TTTTCATC-----TTAGCTT-----GTG-----TTTAAATCATTTT-----
1740      1750      1760

```

Fig. 5M-15

```

Slit  TGTGAGCCATGCCACAAGAGGTGTGTGCCCATGGCACATGCCAGCCAGCAGGCGTTTACCT
      :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :  ::  :
325 TTTGATC--TAC-----AAAGTTGTT-----CAGTTTA---A
      1770      1780      1790

```

Slit GCGAGTGCACGGAAGGATGGATGGGCCCTCTGTGACCAACGGACCAATGACCCTTGCCCTTGGAATAA
 : :::: ; ::::: : ..:::.....
 325 ACAAAAACTA--AAGG-----CATCAGAAACT-----CAAGGGAAAAAT

```

325 AGACTTGAATA-CTACAGCTT-----TTATCAGTCAGCAAGGTATA-----ATGTA
1830      1840      1850      1860      1870
Slit ATCGGTACATGGCACCTGCTTGCCCATCAATGCGTTCTCCTACAGCTGTAAGTGCTTGGAGGGCCATGGA
4350      4360      4370      4380      4390      4400      4410
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

4420      4430      4440      4450      4460      4470      4480
Slit  GGTGTCCTCTGTGATGAAGAGGAGGATCTGTTTAACCCATGCCAGCGCATCAAGTGCAAGCACGGGAAGT
325    . :: ::::: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .: .:
      ACTG-CCTCAAT-TTG-----TAACACTTCCC-----CAAATTCT--CT-AGAAAGT
1880                                     1890                                     1900                                     1910

```

Fig. 5M-16

```

4490      4500      4510      4520      4530      4540      4550
Slit GCAGGCTTTTCAGGTCTGGGGCAGCCCTACTGTGAATGCAGCAGTGATACACGGGGACAGCTGTGATCG
      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:
325 CCTGGCTT-----GGAGCAG-----ATTC-----GACTTCA-TAAACA
1920      1930      1940

4560      4570      4580      4590      4600      4610      4620
Slit AGAAATCTCTTGTCTGAGGGGAAAGGATAAGAGATTATTACCAAAAGCAGCAGGGCTATGCTGTGCCAA
      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:
325 AATTGT-TC-----C-----TGAAAATGAG-----GCA-CAGGTC-ATTCTTTTIG----A
1950      1960      1970      1980

4630      4640      4650      4660      4670      4680      4690
Slit ACAACCAAGAAGGTGTCCCGATTAGAGTGCAGAGGTGGTGTGCAGGAGGCAGTGCTGTGGACCGCTGA
      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:
325 ACATTC-----TGCTTTATAACTC-----
1990      2000

4700      4710      4720      4730      4740      4750      4760
Slit GGAGCAAGCGGGGAAATACTCTTTTCGAATGCACCTGACGGCTCCTCTTGTGGACGAGGTTGAGAAAGT
      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:      :.:.:.:.:
325 --AACTAA-----ATATTGTCTATAAGAACT---TCAGTGCCA-----TGGACATGATTTAAA-----
2010      2020      2030      2040      2050

```

Fig. 5M-17

```

4770      4780      4790      4800      4810      4820      4830
Slit GGTGAAGTGGGGCTGTACGAGGTGTGTCTCCTAAACACACTCCCGGACGCTCTGTCTTTGGAAAAGTTG
      :::
325  -----CTG-----AAAC---CTC-----CTT---ATATAATTA
      2060      2070

4840      4850      4860      4870      4880      4890      4900
Slit TATACTTCTTGACCATGTGGGACTAATGAATGCTTCATAGTGGAATAATTTGAAATATATTTGTAATAATAC
      ::::: ::: ::: :::: ::: :::: ::: :::: ::: :::: :::: ::::
325 TATACTT-TAGT---TGGAAATATAATGAATTATATGAGGTTAGCATTTATTAATAATGTTTTTAA-----
      2080      2090      2100      2110      2120      2130

4910      4920      4930      4940      4950
Slit AGAACAGACTTATTTTATTATGAGAAATAAAGACTTTTTTTCTGCATTG
      ::::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
325 -----TAAAAAATAAATAAAGGCG-----GCCGC-----
      2140      2150      2160

```

Fig. 5M-18

T	Y	G	P	D	C	L	A	C	Q	G	G	S	Q	R	P	C	S	G	N	151
ACC	TAC	GGT	CCC	GAC	TGT	CTC	GCA	TGC	CAG	GGC	GGA	TCC	CAG	AGG	CCC	TGC	AGC	GGG	AAT	566
G	H	C	S	G	D	G	S	R	Q	G	D	G	S	C	R	C	H	M	G	171
GGC	CAC	TGC	AGC	GGA	GAT	GGG	AGC	AGA	CAG	GGC	GAC	GGG	TCC	TGC	CGG	TGC	CAC	ATG	GGG	626
Y	Q	G	P	L	C	T	D	C	M	D	G	Y	F	S	S	L	R	N	E	191
TAC	CAG	GGC	CCG	CTG	TGC	ACT	GAC	TGC	ATG	GAC	GGC	TAC	TTC	AGC	TCG	CTC	CGG	AAC	GAG	686
T	H	S	I	C	T	A	C	D	E	S	C	K	T	C	S	G	L	T	N	211
ACC	CAC	AGC	ATC	TGC	ACA	GCC	TGT	GAC	GAG	TCC	TGC	AAG	ACG	TGC	TCG	GGC	CTG	ACC	AAC	746
R	D	C	G	E	C	E	V	G	W	V	L	D	E	G	A	C	V	D	V	231
AGA	GAC	TGC	GGC	GAG	TGT	GAA	GTG	GGC	TGG	GTG	CTG	GAC	GAG	GGC	GCC	TGT	GTG	GAT	GTG	806
D	E	C	A	A	E	P	P	P	C	S	A	A	Q	F	C	K	N	A	N	251
GAC	GAG	TGT	GCG	GCC	GAG	CCG	CCT	CCC	TGC	AGC	GCT	GCG	CAG	TTC	TGT	AAG	AAC	GCC	AAC	866
G	S	Y	T	C	E	E	C	D	S	S	C	V	G	C	T	G	E	G	P	271
GGC	TCC	TAC	ACG	TGC	GAA	GAG	TGT	GAC	TCC	AGC	TGT	GTG	GGC	TGC	ACA	GGG	GAA	GGC	CCA	926
G	N	C	K	E	C	I	S	G	Y	A	R	E	H	G	Q	C	A	D	V	291
GGA	AAC	TGT	AAA	GAG	TGT	ATC	TCT	GGC	TAC	GCG	AGG	GAG	CAC	GGA	CAG	TGT	GCA	GAT	GTG	986

80/109

Fig. 6B

D	E	C	S	L	A	E	K	T	C	V	R	K	N	E	N	C	Y	N	T		311
GAC	GAG	TGC	TCA	CTA	GCA	GAA	AAA	ACC	TGT	GTG	AGG	AAA	AAC	GAA	AAC	TGC	TAC	AAT	ACT		1046
P	G	S	Y	V	C	V	C	P	D	G	F	E	E	T	E	D	A	C	V		331
CCA	GGG	AGC	TAC	GTC	TGT	GTG	TGT	CCT	GAC	GGC	TTC	GAA	GAA	ACG	GAA	GAT	GCC	TGT	GTG		1106
P	P	A	E	A	E	A	T	E	G	E	S	P	T	Q	L	P	S	R	E		351
CCG	CCG	GCA	GAG	GCT	GAA	GCC	ACA	GAA	GGA	GAA	AGC	CCG	ACA	CAG	CTG	CCC	TCC	CGC	GAA		1166
D	L	*																			354
GAC	CTG	TAA																			1175
																					81 / 109
																					1254
																					1333
																					1412
																					1432

Fig. 6C

H EDL

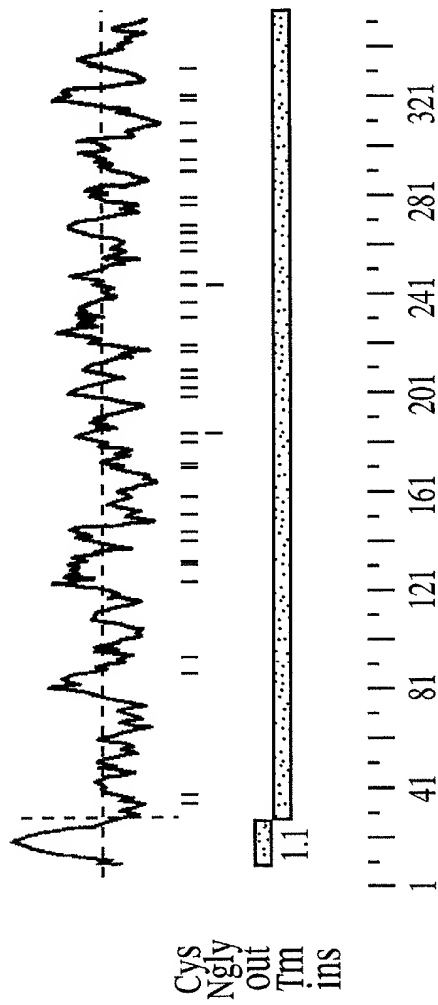


FIG. 6D

```

      10      20      30      40      50
C  --GTAGCCGGG--GGAACGGC-CGGC-----GCGCTTG-----CCGGTGGGCGGAGCGGAGACT-CCACA
      . . . . . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : . : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  ACGCGTCCGCACANGCCGCGCGGCTGGGAGCGGGTGGGCGGCGGAGCGGAGCGGAGCGGAGCAGCACGGCCGCA
      10      20      30      40      50      60      70

      60      70      80      90      100      110
C  G---CAGTT-CTC-TGCCG-GTCG-CCCGCGAGTGC-ACCCGCCATGCACCTGCCGC-CCGCTGCCGCAG
      : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  GGACCTGGAGCTCCGGCTGCGTCTTCCCGC-AGCGCTACCCGCCCATGCGCCTGCCGCGCCG-GGCCGCGC
      80      90      100      110      120      130

      120      130      140      150      160      170      180
C  TCGGGCT---GCTACTGCTGCTGCTGCCGCCCTCCCGCGCGGTGGCCTCCCGGAAGCCGACAATGTGCCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  TGGGGCTCCTGCCGCTTCTGCTGCTGCTGCCGCCCGCGCGGAGCGGCCCAAGAACGCCGACGCCCTGCCA
      140      150      160      170      180      190      200

      190      200      210      220      230      240      250
C  GAGGTGCCGGCGCTGGTGGACAAAGTTCAACCCAGGGGATGGCCAAACACGCGCCAGGAAGAATTTCGGCGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
H  CCGGTGCCGGCGCTGGTGGACAAAGTTTAAACCAGGGGATGGTGGACACCGCCAAAGAAGAACTTTGGCGGC
      210      220      230      240      250      260      270

```

Fig. 6F

```

260      270      280      290      300      310      320
C GGCAACACGGCGTGGGAGGAGAGAGTCTGTCCAAGTACGAATTTCAGTGAGATTCTGGCTCCTGGAGATTA
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H GGGAACACGGCTTGGGAGGAAAAGACGCTGTCCAAGTACGAGTCCAGCGGAGATTTCGCCTGCTGGAGATCC
280      290      300      310      320      330      340

330      340      350      360      370      380      390
C TGGAGGCGCTGTGTGACAGCAACGACTTTTGAATGCAACCAACT-CTTGGAACAGCATGAGGAGCAGCTAG
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H TGGAGGCGCTGTGCGAGAGCAGCGACTTCGAATGCAATCAGATGCTAGAGGC-GCAGGAGGAGCAGCACCTGG
350      360      370      380      390      400      410

400      410      420      430      440      450      460
C AGGCCCTGGTGGCAGACACTGAAGAAGGAGTGCCCTAACCTATTTGAGTGGTCTCTGTGTACACACTGAA
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H AGGCCCTGGTGGCTGCAGCTGAAGAGCGGAATATCCTGACTTATTCGAGTGGTTTTGTGTGAAGACACTGAA
420      430      440      450      460      470      480

470      480      490      500      510      520      530
C AGCATGCTGTCTTCCAGGCACCTATGGGCCAGACTGTTCAGGAATGCCAGGGTGGGTCTCAGAGGCCCTGTG
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H AGTGTGCTGCTCTCCAGGAACCTACGGTCCCGACTGTCTCGCATGCCAGGGCGGATCCCAGAGGCCCTGC
490      500      510      520      530      540      550

```

Fig. 6G

Fig. 6H

```

      820      830      840      850      860      870      880
C  GCAATGTACAGTACTGTGAAAAATGTCAACGGCTCCTACACATGTGAAGAGTGTGATTCTACCTGTGTGGG
   :: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: ::::::::::::::
H  GCGCTGCGCAGTTCTGTAAAGAACGCCAACGGCTCCTACACGTGCGAAGAGTGTGACTCCAGCTGTGTGGG
      840      850      860      870      880      890      900

      890      900      910      920      930      940      950
C  CTGCACAGGAAAGGCCCAGCCCAATTGTAAAGAGTGTATCTCTGGCTACAGCAAGCAGAAAGGAGAGTGT
   :::::::::::::: :: :::::::::::::: :::::::::::::: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  CTGCACAGGGAAGGCCCAGGAAACTGTAAAGAGTGTATCTCTGGCTACGCGAGGAGCAGCAGGACAGTGT
      910      920      930      940      950      960      970

      960      970      980      990      1000      1010      1020
C  GCAGATATAGATGAATGCTCATTAGAAACAAGGTGTGTAAGAAAGGAAATGAGAACTGTACAATACTC
   :::::::::::::: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H  GCAGATGTGGACGAGTGTCTACTAGCAGAAAAAACCTGTGTGAGGAAAAACGAAAACTGTACAATACTC
      980      990      1000      1010      1020      1030      1040

      1030      1040      1050      1060      1070      1080      1090
C  CAGGGAGCTTTGTCTGCGTGTGTCCGGAAGGTTTCGAGGAAGACAGAAAGATGCTTGTGTACAGACAGCAG
   :::::::::::::: :: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: :::::::::::::: :: :: :: ::
H  CAGGGAGCTACGTCTGTGTGTCTGACGGCTTCGAAGAA-ACGGAAGATGCCCTGTGTGCCCGCCGGCAG
      1050      1060      1070      1080      1090      1100      1110

```

Fig. 6I

```

1100      1110      1120      1130      1140      1150
C AAGCGAAGTGGCAGAGGAAAGT--CCC-ACACAGCCACCCTCCCATGAGGATTGTGACGGGCATCCAG
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H AGGCTGAAGCCACAGAGGAGAAAGCCCGACACAGCTGCCCTCCCGCGGAAGA-----CCTG
1120      1130      1140      1150      1160      1170
1160      1170      1180      1190      1200      1210      1220
C GTTCAGAAAGCTGGACTCTCACCCCTTTTAAAGTTATTGAGAGGACATCCTATAGAAAATGTGCCCCATGGAC
  : : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H --TAATGTGCCGGGACTT--ACCCTTTAAATTATTCAGAAAGGATGTCCTCCGTGGAAAATGTGCCCCCTGAGGA
1180      1190      1200      1210      1220      1230

1230      1240      1250      1260      1270      1280      1290
C ATCAACCCCATTTCTCCAGGAAGTTTGG-AGGAAGAAGCTGCCCTGCTTTGAAACAGTAGATACTCACTT
  . : : : : : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H TGCCGTCTC---CTGCAGTGGACAGCGCGGGGAGAGGCTGCCCTGCTCTCTAACGGTTGATTCTCATTT
1240      1250      1260      1270      1280      1290      1300
1300      1310      1320      1330      1340      1350      1360
C GGCCCTTTAAACGCTGCATTTCTTGGTGGTTCTTAAACAGATTCTGTATATTTTGATACTGTTCTTTATA
  : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H GTCCCTTAAACA-GCTGCATTTCTTGGTGGTTCTTAAACAGACTTGTATATTTTGATAACAGTTCTTTGTA
1310      1320      1330      1340      1350      1360      1370

1370      1380      1390
C ATAAAAATTGATCATTTGAAGGTCACCAGGA-----CA-----
  :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: ::
H ATAAAAATTGACCATTGTAGGTAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGGCGGCCGCTAGAC
1380      1390      1400      1410      1420      1430

```

Fig. 6J

GTCGACCCACGCGTCCGTCCGTGGGCCCCAGCCCTCTCCTCAGCTCGCGCAGTCTCCGCCGCGAGTCTCAGCTGCAGCTG	79
CAGGACTGAGCCGTGCACCCGGAGGAGACCCCGGAGGCGGACAAACTTCGCAGTGCCGCGACCCAAACCCAGCCCT	158
<div style="text-align: center;">M A Q L F L P L L A A L V L A Q</div> GGGTAGCCTGCAGC ATG GCC CAG CTG TTC CTG CCC CTG CTG GCA GCC CTG GTC CTG GCC CAG	16 220
<div style="text-align: center;">A P A A L A D V L E G D S S E D R A F R</div> GCT CCT GCA GCT TTA GCA GAT GTT CTG GAA GGA GAC AGC TCA GAG GAC CGC GCT TTT CGC	36 280
<div style="text-align: center;">V R I A G D A P L Q G V L G G A L T I P</div> GTG CGC ATC GCG GGC GAC GCG CCA CTG CAG GGC GTG CTC GGC GGC CTC ACC ATC CCT	56 340
<div style="text-align: center;">C H V H Y L R P P P S R R A V L G S P R</div> TGC CAC GTC CAC TAC CTG CTG CGG CCA CCG CCG AGC CGC CGG GCT GTG CTG GGC TCT CCG CGG	89 / 109 76 400
<div style="text-align: center;">V K W T F L S R R G R E A E V L V A R G V</div> GTC AAG TGG ACT TTC CTG TCC CTG GGC CGG GAG GCA GAG GTG CTG GTG GCG CGG GGA GTG	96 460
<div style="text-align: center;">R V K V N E A A Y R F R V A L P A Y P A S</div> CGC GTC AAG GTG AAC GAG GCC TAC CGG TTC CGC GTG GCA CTG CCT GCG TAC CCA GCG TCG	116 520
<div style="text-align: center;">L T D V S L A L S E L R P N D S G I Y R</div> CTC ACC GAC GTC TCC CTG GCG CTG AGC GAG CTG CGC CCC AAC GAC TCA GGT ATC TAT CGC	136 580

Fig. 7A

C E V Q H G I D D S S S D A V E V K V K G 156
 TGT GAG GTC CAG CAC CAC GGC ATC GAT GAT GAC AGC AGC AGC GCT GTG GAG GTC AAG GTC AAA GGG 640

 V V F L Y R E G S A R Y A F S F S G A Q 176
 GTC GTC TTT CTC TAC CGA GAG GGC TCT GCC TAT GCT TTC TCC TTT TCT GGG GCC CAG 700

 E A C A R I G A H I A T P E Q L Y A A Y 196
 GAG GCC TGT GCC CGC ATT GGA GCC CAC ATC GCC ACC CCG GAG CAG CTC TAT GCC GCC TAC 760

 L G G Y E Q C D A G W L S D Q T V R Y P 216
 CTT GGG GGC TAT GAG CAA TGT GAT GCT GGC TGG CTG TCG GAT CAG ACC GTG AGG TAT CCC 820

 I Q T P R E A C Y G D M D G G F P G V R N 236
 ATC CAG ACC CCA CGA GAG GCC TGT TAC GGA GAC ATG GAT GGC TTC CCC GGG GTC CGG AAC 880

 Y G V V D P D D L Y D V Y C Y A E D L N 256
 TAT GGT GTG GTG GAC CCG GAT GAC CTC TAT GAT GTG TAC TGT TAT GCT GAA GAC CTA AAT 940

 G E L F L G D P P E K L T L E E A R A Y 276
 GGA GAA CTG TTC CTG GGT GAC CCT CCA GAG AAG CTG ACA TTG GAG GAA GCA CGG GCG TAC 1000

 C Q E R G A E I A T T G Q L Y A A W D G 296
 TGC CAG GAG CGG GGT GCA GAG ATT GCC ACC ACG GGC CAA CTG TAT GCA GCC TGG GAT GGT 1060

Fig. 7B

G	L	D	H	C	S	P	G	W	L	A	D	G	S	V	R	Y	P	I	V	316
GGC	CTG	GAC	CAC	TGC	AGC	CCA	GGG	TGG	CTA	GCT	GAT	GGC	AGT	GTG	CGC	TAC	CCC	ATC	GTC	1120
T	P	S	Q	R	C	G	G	G	L	P	G	V	K	T	L	F	L	F	P	336
ACA	CCC	AGC	CAG	CGC	TGT	GGT	GGG	GGC	TTG	CCT	GGT	GTC	AAG	ACT	CTC	TTC	CTC	TTC	CCC	1180
N	Q	T	G	F	P	N	K	H	S	R	F	N	V	Y	C	F	R	D	S	356
AAC	CAG	ACT	GGC	TTC	CCC	AAT	AAG	CAC	AGC	CGC	TTC	AAC	GTC	TAC	TGC	TTC	CGA	GAC	TCG	1240
A	Q	P	S	A	I	P	E	A	S	N	P	A	S	N	P	A	S	D	G	376
GCC	CAG	CCT	TCT	GCC	ATC	CCT	GAG	GCC	TCC	AAC	CCA	GCC	TCC	AAC	CCA	GCC	TCT	GAT	GGA	1300
L	E	A	I	V	T	V	T	E	T	L	E	E	L	Q	L	P	Q	E	A	396
CTA	GAG	GCT	ATC	GTC	ACA	GTG	ACA	GAG	ACC	CTG	GAG	GAA	CTG	CAG	CTG	CCT	CAG	GAA	GCC	1360
T	E	S	E	S	R	G	A	I	Y	S	I	P	I	M	E	D	G	G	G	416
ACA	GAG	AGT	GAA	TCC	CGT	GGG	GCC	ATC	TAC	TCC	ATC	CCC	ATC	ATG	GAG	GAC	GGA	GGA	GGT	1420
G	S	S	T	P	E	D	P	A	E	A	P	R	T	L	L	E	F	E	T	436
GGA	AGC	TCC	ACT	CCA	GAA	GAC	CCA	GCA	GAG	GCC	CCT	AGG	ACG	CTC	CTA	GAA	TTT	GAA	ACA	1480
Q	S	M	V	P	P	T	G	F	S	E	E	E	G	K	A	L	E	E	E	456
CAA	TCC	ATG	GTA	CCG	CCC	ACG	GGG	TTC	TCA	GAA	GAG	GAA	GGT	AAG	GCA	TTG	GAG	GAA	GAA	1540

91/109

Fig. 7C

E K Y E D E E E K E E E E E E E E E E E D 476
 GAG AAA TAT GAA GAT GAA GAG AAA GAG GAG GAG GAA GAA GAG GAG GAG GTG GAG GAT 1600

 E A L W A A W P S E L S S S P G P E A S L P 496
 GAG GCT CTG TGG GCA TGG CCC AGC GAG CTC AGC AGC CCG GGC CCT GAG GCC TCT CTC CCC 1660

 T E P A A Q E K S L S Q A P A R A V L Q 516
 ACT GAG CCA GCA GCC CAG GAG AAG TCA CTC TCC CAG GCG CCA GCA AGG GCA GTC CTG CAG 1720

 P G A S P L P D G E S E A S R P P R V H 536
 CCT GGT GCA TCA CCA CTT CCT GAT GGA GAG TCA GAA GCT TCC AGG CCT CCA AGG GTC CAT 1780

 G P P T E T L P T P R E R N L A S P S P 556
 GGA CCA CCT ACT GAG ACT CTG CCC ACT CCC AGG GAG AGG AAC CTA GCA TCC CCA TCA CCT 1840

 S T L V E A R E V G E A T G G P E L S G 576
 TCC ACT CTG GTT GAG GCA AGA GAG GTG GGG GAG GCA ACT GGT CCT GAG CTA TCT GGG 1900

 V P R G E S E E T G S S E G A P S L L P 596
 GTC CCT CGA GGA GAG AGC GAG ACA GGA AGC TCC GAG GGT GCC CCT TCC CTG CTT CCA 1960

 A T R A P E G T R E L E A P S E D N S G 616
 GCC ACA CGG GCC CCT GAG GGT ACC AGG GAG CTG GAG GCC CCC TCT GAA GAT AAT TCT GGA 2020

92/109

Fig. 7D

R	T	A	P	A	G	T	S	V	Q	A	Q	P	V	L	P	T	D	S	A	636
AGA	ACT	GCC	CCA	GCA	GGG	ACC	TCA	GTG	CAG	GCC	CAG	CCA	GTG	CTG	CCC	ACT	GAC	AGC	GCC	2080
S	R	G	G	V	A	V	V	P	A	S	G	N	S	A	Q	G	S	T	A	656
AGC	CGA	GGT	GGA	GTG	GCC	GTG	GTC	CCC	GCA	TCA	GGT	AAT	TCT	GCC	CAA	GGC	TCA	ACT	GCC	2140
L	S	I	L	L	L	F	F	P	L	Q	L	W	V	T	*					672
CTC	TCT	ATC	CTA	CTC	CTT	TTC	TTC	CCC	CTG	CAG	CTC	TGG	GTC	ACC	TGA					2188
CCT	GTAG	TCCTT	TAACCC	ACCAT	CAATCC	CAAACT	CTCCT	GTCCCT	TTCCTT	GGCCTT	CATTCT	TACCC	ACCTCT	ACCTAT	TGGG					2267
TCT	CCAAT	CTCG	GATAT	CCACCT	TGTGG	GTATCT	CAGCT	CTCCG	CGTCTT	TACCC	TGTGAT	CCAGCC	CCGCACT	GTAC						2346
CAT	CTGT	GACCC	TTCC	CTGCC	ATTGG	CCCTCC	ACCTGT	GGCTC	ACATCT	CGCC	AGCCCC	ACAGAG	CACTCT	CAGGCCT						2425
CT	CAAGG	GTCC	CTCAT	CACCT	ATTG	CAGCCT	TCAGG	GCTC	AGGCT	ATTTT	CCACT	ACTCC	CTTCAT	CCGCTGT	GTGCC					2504
GT	CCCC	TTAG	CTGC	CTCT	ATTG	ATCT	CAGG	GAAGC	CTGG	GAGTCC	CTTCT	CACCC	CTCA	ACCTCC	GGAGTCC	AGGAG				2583
AA	CCCGT	ACCC	CCAC	AGCC	TTAAG	CAACT	ACTT	CTGT	GAGT	ATTTT	TGACT	GTTT	CATG	GAAA	ACAAGC	CTTGGA				2662
AA	TAAAT	CTCT	ATTAA	ACCG	CTTT	GTAA	CCAAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	AAAA	GGGCGG	CCGC			2730

Fig. 7E

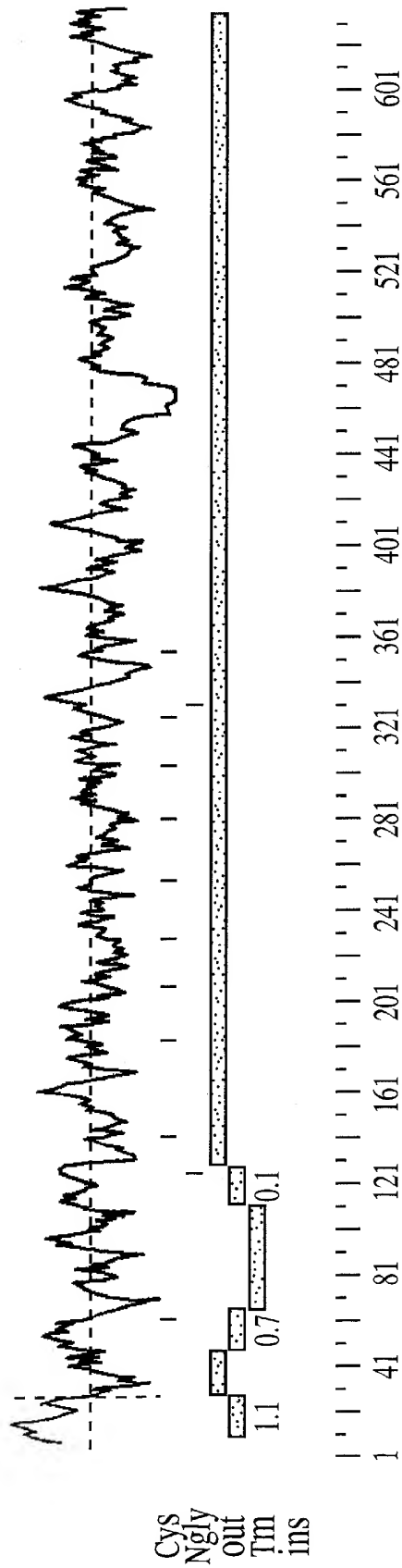


FIG. 7F

Fig. 7G

```

360      370      380      390      400      410
332 YCFRDSAQP-SAIPEASNPNPASDGLFAIVTVTETLLEELQLPQEATESESRGAIYSIPIMEDGGGSS
      :::::  ...  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF YCFRDSAQLLPSLRPPTQPPTQL--DGLFAIVTVTETLLEELQLPQEATESESRGAIYSIPIMEDGGGSS
300      310      320      330      340      350

420      430      440      450      460      470      480
332 TPEDPAEAPRTLLEFFETQSMVPPPTGFSSEEGKALEEEEEKYEDDEEEKEEEEEVEDEALWAWPSELSSP
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF TPEDPAEAPRTLLEFFETQSMVPPPTGFSSEEGKALEEEEEKYEDDEEEKEEEEEVEDEALWAWPSELSSP
360      370      380      390      400      410      420

490      500      510      520      530      540      550
332 GPEASLPTPEAAQEKSLSQAPARAVLQPGASPLPDGESEASRPFRVHGPPPTETLPTPRERNLASPSPSTL
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF GPEASLPTPEAAQEEESLSQAPARAVLQPGASPLPDGESEASRPFRVHGPPPTETLPTPRERNLASPSPSTL
430      440      450      460      470      480      490

560      570      580      590      600      610      620
332 VEAREVGEATGGPELSGVPRGESEETGSSEGAPSLLPATRAPEGTRELEAPSEDNSGRTAPAGTSVQAQP
      :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
BEF VEAREVGEATGGPELSGVPRG-----GAR-----TQ-
500      510      520

630      640      650      660      670
332 VLPTDSASRGGVAVVPASGNSAQGSTALSILLFFPLQLWVT
      :::::
BEF -----FAL-----

```

Fig. 7H

Fig. 71

Fig. 7J

L	I
M	H

```

10      20      30      40      50
H  GTCG-ACCCA-CG-----CGTCC-----GTCCTGGGCCCCAGCCTCTCCTCAGGCTCGCGCAGTC
:  :  :::::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GAGGCTCCCGGCGAGCTGGCGCCCCCTGTCTGGGTCCCGCGCGCCCCGGCC-CTGCTCGCGCCCCGCGCA-TC
10      20      30      40      50      60

60      70      80      90      100     110     120
H  TCCGCCGCGAGTCTCAG-CTGCAGCTGCAGGACTGAGCCCGTGACCCGGAGGAGACCCCCGGAGGAGGCGGA
:  :  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  GC-GCCGCAGTCTCGGTCTGCGGCTGCGGACGTGACGGCGTGCGCGGAGGGGACCTC-----GCAA
70      80      90      100     110     120

130     140     150     160     170     180     190
H  CAAACTTCGCAGTGCCGCGGACCCCAACCCAGCCCTGGGTAGCCTGCAGCATGGCCCCAGCTGTTCTCCTGCCCC
:  :  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  -GTTCTTC-----CATC-----AGTG---TGCAAAATGATACCACTGCTTCTGTCTCC
130     140     150     160     170

200     210     220     230     240     250     260
H  CTGCTGGCAGCCCTGGTCCCTGGCCCCAGGCTCCTGCAGCTTTAGCAGATGTTCTGGAAGGAGACAGCTCAG
:  :  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  CTGCTGGCCGCTCTGGTCCCTGACCCCAAGCCCTGCCGCCCTCGCTGATGACCTGAAAGAAGACAGCTCGG
180     190     200     210     220     230     240

270     280     290     300     310     320     330
H  AGGACCGCGCTTTTCGCGTGCGCATCGCGGGCGACGCGCCACTGCAGGGCGTGCTCGCGGCGCCCTCAC
:  :  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
M  AGGATCGAGCCTTCCGCGTGCGCATCG-GTGC--CGCGCAGCTGCGGGGCGTGCTGGGCGGTGCCCTGGC
250     260     270     280     290     300

```

Fig. 7L

Fig. 7M

```

690      700      710      720      730      740      750
H CCTTTC TGGGCC CAGGAG CCCTGT GCCC GCATTG GAGCCC ACATCG CCACCC GAGAGC TCTATGC
      :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CCTTCG CTGGAG CCCAGG AAGCCT GCCTCG CATAGG AGCCCG AATCGC CACCCC GAGAGC TCTATGC
660      670      680      690      700      710      720

760      770      780      790      800      810      820
H CGCTAC CTTGGGGC CTATG AGCAAT GTGATG CTGGCT GGCTGT CCGGAT CAGACC GTGAGG TATCCC ATC
      :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TGCCTA CCTCGG CGGCTAT GAGCAG TGTGAT GCAGG CTGGCT GTCCG ACCCAA CTGTG AGGTAC CCCC ATC
730      740      750      760      770      780      790

830      840      850      860      870      880      890
H CAGACCC CACGAG AGCCCT GTTAC GAGAG ACATG GATGG CTTC CCCTGG GTTCC GGAAC TATGG TGTGG TGG
      :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M CAGAAC CCACG AGAGCC CTGCTC TGGAG ACATG GATGG CTATC CTGGC GTGCG GAACTA CCGAG TGGTGG
800      810      820      830      840      850      860

900      910      920      930      940      950      960
H ACCCGG ATGACC TCTATG ATGTG TACTGT TATG CTGA AGACCT AAATG GAGAAC TGTTC CTGGT GACCC
      . :: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M GTCCTG ATGATC TCTATG ATGTG TACTGT TATG CCGA AGACCT AAATG GAGAAC TGTTC CTAGG CGCCCC
870      880      890      900      910      920      930

970      980      990      1000      1010      1020      1030
H TCCAGA GAAGCT GACAT TGGAG GAAGC ACGGC GCTAC TCCAG GAGCG GGTGC AGAGAT TGCCAC CACG
      :::: .. :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: :::: ::::
M TCCCAG CAAGCT GACAT TGGAG GAGG CTCTC GGGAC TACTGT CTGGA ACCTG GTGCAC AGATCG CTAGCA CA
940      950      960      970      980      990      1000

```

Fig. 7N

```

1040      1050      1060      1070      1080      1090      1100
H  GGCCAACTGTATGCAGCCCTGGGATGGTGGCCCTGGACCACCTGCAGCCCAGGGTGGCTAGCTGATGGCAGTG
    ::::::::::::::::::::::::::::::: . ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: :
M  GGCCAGCTGTACGCAGCCCTGGAATGGTGGCCCTGGACACAGATGTAGCCCTGGCTGGCTGGCTGATGGCAGCG
1010      1020      1030      1040      1050      1060      1070

1110      1120      1130      1140      1150      1160      1170
H  TGGGCTACCCCATCGTCACACCCAGCCAGCGCTGTGGTGGGGCTTGCCCTGGTGTCAAGACTCTCTTCCT
    ::::::::::::::::::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: :
M  TGGGCTATCCCATCATCACACCCAGCCAAACGCTGTGGGGCGGCGCTGCCAGGAGTCAAGACCCCTCTTCCT
1080      1090      1100      1110      1120      1130      1140

1180      1190      1200      1210      1220      1230      1240
H  CTTCCCCAACCCAGACTGGCTTCCCCCAATAAGCACAGCCGCTTCAACGCTCTACTGCTTCCGAGACTCGGCC
    ::::::::::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: :
M  CTTTCCCCAACCCAGACTGGCTTCCCCCAGCAAGCAGAACCCGCTTCAATGTCTACTGCTTCCGAGACTCTGCC
1150      1160      1170      1180      1190      1200      1210

1250      1260      1270      1280      1290      1300      1310
H  CAGCCTTCTGCCATCCCCTGAGGCCCTCCAACCCAGCCTCCAACCCAGCCCTCTGATGGACTAGAGGCTATCG
    :::::::::: . ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: :
M  CATCCCTCTGCTTCCCTCTGAGGCCCTCTAGCCCAGCCCTC-----AGATGGACTTGAGGCCCATTG
1220      1230      1240      1250      1260      1270

1320      1330      1340      1350      1360      1370      1380
H  TCACAGTGACAGAGACCCCTGGAGGAACTGCAGCTGCCTCAGGAAGCCACAGAGAGTGAATCCCGTGGGGC
    ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: ::::::::::::::: :
M  TCACAGTGACAGAAAAGCTGGAGGAACTGCAGCTGCCTCAGGAAGCGATGGAGAGCGAGTCTCGTGGGGC
1280      1290      1300      1310      1320      1330      1340

```

Fig. 70

Fig. 7P

1730	1740	1750	1760	1770	1780	1790	
H	CATCACC	ACTTCTCTG	ATGGAGAGT	CAGAA	GCTTCCAGG	CTTCCATGGACCACTACTGAGAC	
	
M	CGTCAC	CTTCTCCTG	-----	GGCCTCCA	AGTTCCGTGGAC	CGCCTGCAGAGAC	
1670		1680	1690	1700	1710		
1800	1810	1820	1830	1840	1850	1860	
H	TCTGCC	ACTCC	CAGGAGAG	GAACCTAG	CATCCC	ATCACCTTCCACTCTGGTTGAGGCAAGAGAGGTG	
	
M	TTTGCT	CCCCCG	AGGAGTGG	AGC-----	GCCACATCT	ACT-CC----TGGT-GGGCAAGAGAAAGTA	
1720	1730	1740	1750	1760	1770		
1870	1880	1890	1900	1910	1920	1930	
H	GGGAGG	CAACTGG	TGTCCTG	AGCTATCT	TGGGTCC	TCTCGAGGAGAGCGGAGAGACAGGAAGCTCC-	
	
M	GGGGGG	GAAC	TGGGAG	CCCTG	AGCTCTCT	TGGGTTCC	TCTGA--GAGAGCGAGGAGGCAGGGAGCTCCA
1780	1790	1800	1810	1820	1830		
1940	1950	1960	1970	1980	1990	2000	
H	-----	GAGGGT	GCCCCCT	TCCCTG	CTTCCAG	CCACACGGGCCCTGAGGGTACCAGGGAGCTGGAGGCCCC	
	
M	GCTTGG	AGGATG	GGCCCC	TTCCCTA	CTTCCAG	CTACATGGGCCCCCTGTGGTCCCAGGAGCTGGAGACCCC	
1840	1850	1860	1870	1880	1890	1900	
2010	2020	2030	2040	2050	2060	2070	
H	CTCTGA	AGATAA	TCTGGA	AGAACTG	CCCCAG	CAAGGACCTCAGTGCAGGCCACGCCAGTGTGCCCCACT	
	
M	CTCAGA	AGAGA	AGTCTG	GGAAGAA	CTGTCT	CGCAGGCACCTCAGTGCAGGCCACGCCAGTGTGCCCCACC	
1910	1920	1930	1940	1950	1960	1970	

Fig. 7Q

Fig. 7R

Fig. 7S

```

2490      2500      2510      2520      2530
H CTTC A-TCCGCCCTGTGTGCC-----GTCC---CCTTTAGCTGC-CTCCT-----ATTGATCTC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CCTCAGATTTCCTGTGTACCCCGGAGGCCCTGGCCGTGCTCTGCGCTCCATGGACGCCCCCAGAGGACCAC
2680      2690      2700      2710      2720      2730      2740

2540
H AGGA-AGC-----CTGGGAGTC-CC-TTCTCACC--CCTC-AACCTCCGGAGT-CCAGGAGAAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGACAGCTCTCGAGGCACAGGAAGGCCGTTGACACCGCCCTCCAGTCTCTAGGGAGCCTGGAAGAC
2750      2760      2770      2780      2790      2800      2810

2590      2600      2610      2620      2630
H CCGTACCCCCCA-CAGAGCCTTAA-GCAACTACT-----TCT-----GTGAAGTATTT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M TGCTGCCCCCAGCAGGACCCCTCTCACATCAACTGCCAGTGCTCTTCCCCATGATAGGGGTGACGTGAGA
2820      2830      2840      2850      2860      2870      2880

2640      2650
H ----TTGACTGT--TTCA-----TGAAACA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M GGGTGGGACTGAAATTTCAGAGGACAGCGCTCGAAGGGTTTCTGGGAAACACTTGGGTGGCTCCGCCCCC
2890      2900      2910      2920      2930      2940      2950

2660      2670      2680
H -----AGCCTTGAAAT-----AAATCTCTATTAA-----AC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
M CTCACACAAGGCCCTCAGGTTTACCCGGTAAGTCCCTAAGTGCCTCAACTGCCCTCTCATGTGCTGCTGC
2960      2970      2980      2990      3000      3010      3020

```

Fig. 7T

```

      2690                                2700
H  CGCTTTGT-----AAC-----CAAAAAAAAAAAAAA
:  : ::::                                : :::::
M  CTCCTGTCCCTCGATNTCGTNAGGGGACACTGTGCTATTCGATCTTGATTGTCGAAGAGTTT TAGGAT
3030 3040 3050 3060 3070 3080 3090

      2710                                2730
H  AAA-----AAAAAAGGGCGG--CC-----GC
:  : ::::: : : : :
M  GGAGTACCAGCAAAACCAGGTGGAAATAAAGTTGCTGAACCCCAAGAAAAA
3100 3110 3120 3130 3140 3150

```

Fig. 7U